



Das Lebensministerium



Ergebnisse aus der Tierzucht

Schriftenreihe der Sächsischen Landesanstalt für Landwirtschaft

Heft 8/2007

Freistaat  Sachsen

Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft

Ergebnisse aus der Tierzucht

Inhaltsverzeichnis

Rinderzucht

Carina Kehr, Dr. Ralf Fischer, Kati Fiedler, Dr. Uwe Bergfeld, Dr. Michael Klunker;
Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft
**Analyse genetischer Einflussfaktoren auf Gesundheitsmerkmale beim Milchrind
und Ableitung züchterischer Maßnahmen** 1

Simone Herziger, Hartmut Berger; Sächsischer Landeskontrollverband e.V.;
Dr. Ralf Fischer, Dr. Uwe Bergfeld; Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft
**Erarbeitung von Nutzungsstrategien tierbezogener Daten in der Milchwirtschaft
in Sachsen** 83

Schweinezucht

Karin Müller, Dr. Ulf Müller, Felicitas Gschwender, Dr. Uwe Bergfeld;
Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft
**Analyse züchterischer Maßnahmen zur Verbesserung der Fruchtbarkeit beim
Schwein** 115

Schafzucht

Dr. Fouad Rikabi, Dr. Ulf Müller, Dr. Uwe Bergfeld;
Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft
Entwicklung eines Verfahrens zur Zuchtwertschätzung für kleine Wiederkäuer 145

Dr. Regina Walther, Rainer Thiele; Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft
Hanno Franke; Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.
**Entwicklung von Resistenzprogrammen für die Schafrassen in Sachsen - eine
Querschnittstudie in Sachsen** 172

Pferdezucht

Kira Kultus, Dr. Ralf Fischer, Dr. Matthias Karwath;
Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft,
Dr. Yanka Tsvetanova; Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft
**Entwicklung eines Zucht- und Informationssystems für die sächsische Pferde-
zucht** 191

Analyse genetischer Einflussfaktoren auf Gesundheitsmerkmale beim Milchrind und Ableitung züchterischer Maßnahmen

*Carina Kehr, Dr. Ralf Fischer, Kati Fiedler, Dr. Uwe Bergfeld, Dr. Michael Klunker;
Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft*

Inhalt

1	Einleitung und Problemstellung
2	Literatur
2.1	Zucht auf funktionale Merkmale
2.2	Klauenerkrankungen
2.3	Fruchtbarkeitsstörungen
2.4	Eutererkrankungen
2.5	Stoffwechselerkrankungen
2.6	Beziehungen zwischen Erkrankungen
2.7	Persistenz
2.8	Züchterische Verbesserung bei Kälberverlusten (Totgeburten)
3	Material und Methode
3.1	Auswahl der Testbetriebe
3.2	Datenerfassung
3.3	Datentransfer
3.4	Plausibilitätskriterien
3.5	Datenqualität und -quantität
3.6	Erkrankungen
4	Ergebnisse und Diskussion
4.1	Schätzung genetischer Parameter für das Auftreten Klinischer Mastitis (CM)
4.2	Schätzung genetischer Parameter für weitere Gesundheitsmerkmale
4.3	Vergleichende Parameterschätzungen
4.4	Schätzung genetischer Parameter für die Zuchtwertschätzung
4.5	Routinemäßige Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale
5	Zusammenfassung und Schlussfolgerungen
6	Literaturverzeichnis
	Anlage

1 Einleitung und Problemstellung

In den letzten Jahren ist das Leistungsniveau in der Milchrinderhaltung enorm gestiegen. Das hatte zur Folge, dass bestimmte funktionale Merkmale, insbesondere Gesundheitsmerkmale, diesem Trend nicht gefolgt sind und sich gegenwärtig bedenkliche Probleme im Bereich der Nutzungsdauer bzw. vorzeitiger Abgänge durch Krankheiten abzeichnen. Neben den zweifelsfrei noch bestehenden Mängeln im Management einiger Betriebe ist die Verschlechterung in diesen Merkmalen auch ein züchterisches Problem. In vorherigen Projekten wurden die Voraussetzungen für die Erfassung von Gesundheitsdaten geschaffen. Im vorliegenden Projekt sollen in enger Zusammenarbeit mit dem Sächsischen Rinderzuchtverband e. G. diese Merkmale züchterisch nutzbar gemacht werden. Dies soll in Form der Schätzung genetischer Parameter für bestimmte Gesundheitsmerkmale und durch die Entwicklung von Zuchtwertschätzverfahren für die Prädisposition für bestimmte Krankheiten erfolgen. Datengrundlage bilden 13 Testbetriebe mit reichlich 8 000 Herdbuchkühen.

Folgende Projektschwerpunkte wurden ausgearbeitet:

- Analyse und Optimierung des Datenbestandes und der Datenerfassung
- Literaturzusammenstellung zur Methodik der Analyse und Auswertung von Gesundheitsmerkmalen
- Auswertung betriebsspezifischer Daten für Rückkopplung zu den Testbetrieben
- Aufbau eines Datenbanksystems für Gesundheitsmerkmale unter Einbeziehung aller vorhandenen Daten aus dem Herdbuch, den Daten aus den Testherden, der Donorenteststation und der ELP-Station des SRV
- Varianzanalytische Untersuchungen und Schätzung genetischer Parameter und Entwicklung von Zuchtwertschätzmodellen für ausgewählte Merkmale auf der Basis von BLUP-Tiermodellen
- Entwicklung von Routineanalysen und -auswertungen einschließlich einer Zuchtwertschätzung für Krankheitsprädispositionen

2 Literatur

Eine ausführliche Literaturzusammenstellung für funktionale Merkmale in der Milchrindzucht wurde in einem Vorgängerprojekt von FIEDLER ET AL (2004) erarbeitet und ist als Anlage ergänzend beigelegt. Aus diesem Grund wird unter Punkt 2 nur auf aktuelle Literaturwerke eingegangen.

2.1 Zucht auf funktionale Merkmale

In den letzten Jahren ist das Leistungsniveau in der Milchrinderhaltung enorm angestiegen. Das hatte zur Folge, dass bestimmte funktionale Merkmale, insbesondere Gesundheitsmerkmale, diesem Trend nicht gefolgt sind und sich gegenwärtig bedenkliche Probleme im Bereich der Nutzungsdauer bzw. vorzeitiger Abgänge durch Krankheiten abzeichnen. Neben der Optimierung im

Management der Betriebe ist die Verbesserung dieser Merkmale auch ein züchterisches Anliegen. In Tabelle 1 sind Beispiele für funktionale Merkmale mit Bewertung, Erfassungsmöglichkeit und Heritabilitäten dargestellt.

Tabelle 1: Beispiele für Merkmale, welche teilweise noch nicht bei der Schätzung genetischer Parameter beachtet werden (MARK ET AL., 2005)

Merkmal	Bewertung	Erfassungsmöglichkeit	Heritabilität
Persistenz	Höherer Anteil an Raufutter in der Ration, Korreliert positiv mit Gesundheit	Aufzeichnen der Tagesgemelke nötig,	0,2
Body Condition Score (BCS)	Menge an Energiereserven im Verlauf der Laktation, positiv korreliert mit Gesundheit, Fruchtbarkeit und Fleischproduktion	Klassifizierer	0,2
Fütterungseffizienz, Produktivität	Berührt die Kosten direkt und wesentlich	Aufnahme von Konzentratfutter bei Einzelfütterung; teuer; nicht ausreichend; z.B. auf Bullenteststationen; Körpermasse der Tiere	0,4
Klinische Erkrankungen	Behandlungskosten, Mehrarbeitszeit und Milchverluste sind sehr teuer	Tierarzt oder Landwirt	< 0,1
Leitfähigkeit	Korreliert mit der Eutergesundheit	Online; Messgerät; benötigt Moderner Melkstand	0,3
Locomotion	Wichtig bei Weidegang und in Laufställen, korreliert mit Langlebigkeit	Klassifizierer, Raum- und Zeitraubend	0,1
Melkbarkeit	Melkverhalten	Elektronisch oder durch Landwirt	0,1
Aktivität (allgemein)	Zeigt Brunstgeschehen an	Pedometer	
Temperatur (Milch)	Indikator für Fieber oder Brunst	Online; benötigt modernen Melkstand	
Progesteron	Korreliert mit Fruchtbarkeit	Teuer, eingeschränkte Benutzung	0,2

Dabei könnten einige Merkmale stark zur Minimierung der Kosten im Stall beitragen. Ein Beispiel, in welchem Rahmen die Kosten bei bestimmten Erkrankungen ausfallen, zeigt Tabelle 2. Diese Ergebnisse wurden durch WINCKLER (2005) von KOSSAIBATI ET AL. (1997) übernommen.

Tabelle 2: Anfallende Kosten im Erkrankungsfall (KOSSAIBATI ET AL., 1997 ÜBERNOMMEN VON WINCKLER, 2005)

Euro je Erkrankungsfall		direkt	indirekt	Gesamt
Akute Mastitis	durchschnittlich	170	91	261
	gering	114	-	114
	schwer	297	220	517
Lahmheit	durchschnittlich	133	219	352
	Sohlengeschwür	170	390	560
	Infektiöse Zwischenklauenfäule	83	78	161

2.2 Klauenerkrankungen

Die wirtschaftliche Bedeutung von Klauenerkrankungen ist unbestritten. Klauen- und Gliedmaßenprobleme stehen als Ursache für unfreiwillige Abgänge an dritter Stelle hinter Fruchtbarkeitsproblemen und Eutererkrankungen. Für die züchterische Bearbeitung der Klauengesundheit stehen zurzeit nur die Trachtenhöhe als direktes Merkmal sowie die anderen Fundamentmerkmale als indirekte Kriterien zur Verfügung.

Bei FIEDLER ET AL. (2004) wurden durch die Literaturrecherche Heritabilitäten von 0,01 bis 0,22 für alle Klauenerkrankungen, 0,01 bis 0,13 für Klauenrehe, 0,02 bis 0,22 für Rusterholz'sches Sohlengeschwür, 0,04 bis 0,09 für Mortellaro und 0,02 bis 0,27 für Ballenfäule zusammengestellt. Für die Wertung dieser Werte sind die unterschiedlichen Autoren, Rassen, Laktationen, Datenumfang und verwendeten Methoden und Modelle zu beachten.

In zwei unabhängig voneinander durchgeführten Studien wurde umfangreiches Datenmaterial zu Klauenerkrankungen ausgewertet. Die Daten für Halle wurden durch den Klauenpfleger René Pijl erfasst und für Göttingen standen die Daten von der Genossenschaft der Klauenpfleger eG Sachsen, erfasst in 9 ostdeutschen Großbetrieben, zur Verfügung (SWALVE & KÖNIG, 2004): Die Erkrankungshäufigkeiten in diesen Studien sind in Tabelle 3 dargestellt. Dabei wurden nur die Erkrankungen an den Hintergliedmaßen ohne Unterscheidung ob links oder rechts betrachtet.

Tabelle 3: Erkrankungshäufigkeit in den Projekten Halle und Göttingen (SWALVE & KÖNIG, 2004)

Diagnosi	n	Frequenz (%)
Projekt Halle (13 333 Befunde von 6 819 Kühen)		
Alle Diagnosen außer Rotation	7.230	54,0 %
Klauenrehe	4.387	32,9 %
Mortellaro	2.219	16,6 %
Klauenfäule	1.951	14,6 %
Weißer Linie Defekt (WLD)	1.341	10,2 %
Rotation	1.691	12,7 %
Projekt Göttingen (5 634 Kühe)		
Alle Diagnosen	1.809	34,0 %
Sohlengeschwür	840	14,9 %
Wanderkrankungen	542	9,6 %
Limax	344	6,1 %
Mortellaro	681	12,1 %

Weiterhin wurden die Merkmale genetisch analysiert und die Beziehungen zur Milchleistung untersucht. Die geschätzten Heritabilitäten liegen bei beiden Projekten zwischen 7 und 12 %. In fast allen Fällen sind die einzelnen Klauenerkrankungen untereinander positiv korreliert, das heißt, tritt bei einer Kuh z.B. Sohlengeschwür auf, so ist diese mit größerer Wahrscheinlichkeit eher prädestiniert für eine weitere Klauenerkrankung als das bei einer gesunden Kuh der Fall wäre. In Tabelle 4 sind die aktuellen Heritabilitäten aus den zwei Projekten dargestellt.

Tabelle 4: Erbliehkeiten für Klauenerkrankungen und Produktionsmerkmale (Diagonale) sowie genetische Korrelationen zwischen den Merkmalen (SWALVE & KÖNIG, 2004)

Projekt Halle						
Merkmal	Klauenrehe	Rotation	WLD	Klauenf.	Mortellaro	MM-HA ¹⁾
Klauenrehe	0,12	-0,56	+0,38	+0,15	-0,04	-0,09
Rotation		0,09	-0,39	-0,24	-0,30	-0,06
WLD			0,07	-0,12	-0,09	+0,07
Klauenfäule				0,07	+0,61	+0,36
Mortellaro					0,11	-0,16

Projekt Göttingen						
Merkmal	Mortellaro	Sohleng.	Wandläsion	Limax	MM-GÖ ²⁾	SCS ³⁾
Motellaro	0,07	+0,56	+0,34	+0,69	+0,24	+0,15
Sohlengeschwür		0,09	+0,44	+0,50	+0,06	+0,28
Wandläsion			0,10	+0,67	+0,27	+0,19
Limax				0,12	+0,34	+0,15
Milch-kg					0,28	+0,20
SCS						0,09

1) MM-HA: Milchmenge laut Definition Halle = Erstlaktationsleistung

2) MM-GÖ: Milchmenge laut Definition Göttingen = Durchschnitt der Probegemelke 1 und 2

3) SCS = Somatic Cell Score (transformierter Zellgehalt)

Die Korrelation zwischen Hinterbeinwinkelung und Sohlengeschwür wird mit $r_g = -0,29$ angegeben. Das heißt, je steiler der Hinterbeinwinkel desto empfänglicher ist das Tier für Sohlengeschwür. Tabelle 5 zeigt ein Szenario zur Verbesserung der Klauengesundheit. Welches Merkmal erbringt den größten Selektionserfolg am Beispiel des Sohlengeschwürs? KÖNIG ET AL. (2005) zeigt weiterhin, dass die Nutzung des direkten Merkmals Sohlengeschwür einen dreifach höheren Selektionserfolg erzielt als das indirekte Merkmal Hinterbeinwinkelung.

Tabelle 5: Korrelation zwischen Index und aggregiertem Genotyp (r_{TI}) und Selektionserfolg für eine Selektionsrunde mit unterschiedlichen Zuchtsszenarien (section intensity = 1) (KÖNIG ET AL., 2005)

Index-Quelle	Zuchtziel	r_{TI}	Selektionserfolg (Erkrankungs-Auftreten pro Generation)
Hinterbeinwinkelung	Sohlengeschwür	0,239	0,041
Sohlengeschwür	Sohlengeschwür	0,723	0,122
Hinterbeinwinkelung und Sohlengeschwür	Sohlengeschwür	0,731	0,124

Zusammenfassend stellt SWALVE & KÖNIG (2004) UND KÖNIG ET AL. (2005) die Ergebnisse folgendermaßen dar:

- Die ermittelten Heritabilitäten um 10 % lassen grundsätzlich züchterische Möglichkeiten im Bereich der Klauengesundheit zu.
- Die Selektionswürdigkeit von Merkmalen wird maßgeblich von der Erfassungsgenauigkeit bestimmt. Dies scheint bei den Klauenerkrankungen gegeben zu sein.
- Für eine Einbindung in Zuchtprogramme wäre es wichtig, Klauenerkrankungen bzw. Klauenschnitte bei den Töchtern der Testbullen zu dokumentieren.
- Eine Konzentration der Nachkommenprüfung in wenigen speziell ausgewählten Testtherden könnte finanzielle und organisatorische Hindernisse umgehen.

- Zur Verbesserung des Fundaments wird hauptsächlich die lineare Beschreibung von Hilfsmerkmalen genutzt. Eine direkte Erfassung der Klauenerkrankungen könnte einen größeren Zuchtfortschritt erbringen.

Weitere Einflussfaktoren auf die Klauengesundheit neben der Haltung, der Fütterung und der Zucht sind nach BALLHEIMER (2004):

- Laktationsstadium: Stress nach der Geburt, zum Zeitpunkt der Laktationsspitze sowie das die Tiere in dieser Zeit tragend werden (Daten von R. Pijl: zwischen dem 80. und 120. Laktationstag)
- Jahreszeit: im Januar bis Mitte Juni erkrankten die meisten Tiere, Ursachen dafür liegen bei den nicht immer optimalen Stallverhältnissen zu dieser Jahreszeit, zu dieser Zeit kalbten die meisten Tiere.
- Alter: je älter das Tier, desto größer ist die Wahrscheinlichkeit einer Klauenerkrankung. Bei Mortellaro zeigte sich der Trend anders. Hier gingen die Erkrankungsfälle zurück. Vermutet wird eine gebildete Resistenz gegen Mortellaro.

2.3 Fruchtbarkeitsstörungen

Für die Fruchtbarkeitsstörungen wurden Heritabilitäten von 0,02 bis 0,10 bei Ovarzysten, von 0,01 bis 0,04 bei der Nachgeburtshaltung, von 0,02 bis 0,04 bei Metritis/ Endometritis und 0,09 bei Anöstrie/ Azyklie nachgewiesen.

In Tabelle 6 ist die Häufigkeit des Auftretens von Fruchtbarkeitserkrankungen bei unterschiedlichen Autoren und Datenumfang aufgezeigt. HERINGSTAD ET AL. (2005) wertete in seinen Untersuchungen zum Einfluss der Laktation ein Datenmaterial aus den Jahren 1978 bis 1998 aus. Die Frequenzunterschiede zwischen den Laktationen zeigen eine etwas höhere Anfälligkeit bei der Nachgeburtshaltung mit steigender Laktation.

Tabelle 6: Mittlere Frequenz bei Fruchtbarkeitsstörungen

Quelle	Erkrankung	Laktation	Anzahl Tiere	Frequenz (%)	Heritabilität
HERINGSTAD ET AL. (2005)	Nachgeburt-verhaltung	1	372.227	2,6	0,08
		2	247.692	3,4	0,08
		3	147.051	4,3	0,08
ZWALD ET AL. (2004A)	Ovarialzysten	alle	65.080	8,0	0,05
		1			0,08
	Metritis (mit Nachgeburt-verh.)	alle	97.316	21,0	0,07
		1			0,08

In der Literatur von HERINGSTAD ET AL. (2005) ergaben sich Heritabilitäten von 0,08 ($SE \leq 0,01$) in der ersten, zweiten und dritten Laktation. Dabei wurden Erkrankungsfälle in den ersten 5 Laktationstagen einbezogen. Der genetische Vergleich über die Jahre (1978 bis 1998) zeigte keine Verbesserung der Resistenz im Merkmal Nachgeburtverhaltung in der Norwegian Red Cow Population.

ZWALD ET AL. (2004A) ermittelte Heritabilitäten für das Auftreten von Ovarialzysten von 0,08 für die erste Laktation und 0,05 für alle Laktationen. Bei Metritis (mit Nachgeburtverhaltung) lagen diese Schätzwerte bei 0,08 bzw. 0,07.

2.4 Eutererkrankungen

Mastitis

Eutererkrankungen sind nach wie vor eines der Hauptgesundheitsprobleme in den Milchviehbeständen. Jede Mastitis verursacht erhebliche wirtschaftliche Einbußen durch steigende Behandlungskosten, sinkende Milchleistung oder durch den frühzeitigen Abgang der betroffenen Kühe aus der Herde. In den skandinavischen Ländern wird seit 1978 die Klinische Mastitis in allen Betrieben erfasst und geht in die Zuchtwertschätzung als direktes Merkmal für die Eutergesundheit mit ein. In diesen Fällen ist es wichtig, eine ausgereifte Methodik und ein klar definiertes Merkmal für die genetische Schätzung zu haben.

Aus der Literaturrecherche von Fiedler u. a. (2004) gehen Heritabilitäten von 0,01 bis 0,20 je nach Modell und Datenmaterial hervor. Neuere Literaturwerte sind in Tabelle 7 zusammengefasst. In Tabelle 7 ist die Häufigkeit des Auftretens sowie die Heritabilitäten von Klinischer Mastitis bei unterschiedlichen Autoren und Datenumfang aufgezeigt. Trat in der ersten Laktation Klinische Mastitis bei 16 % der Tiere auf, so stieg der Anteil in der zweiten und dritten Laktation auf 20 bzw. 24 % an (Heringstad et al., 2005). Die Heritabilitäten lagen in der ersten Laktation bei 0,08 (0,005), in der

zweiten und dritten bei 0,07 (0,005 – 0,006). Es wurde ein Schwellenwertmodell zur Berechnung der Heritabilitäten genutzt.

Tabelle 7: Mittlere Frequenzen und Heritabilitäten bei Eutererkrankungen

Quelle	Erkrankung	Laktation	Anzahl Tiere	Frequenz (%)	Heritabilitäten
HERINGSTAD ET AL. (2005)	Klinische Mastitis	1	372.227	15,8	0,08
		2	247.692	19,8	0,07
		3	147.051	24,2	0,07
KOIVULA ET AL. (2005)	Klinische Mastitis	1	77.518	11,8	0,02
		2	35.080	14,9	0,02
ZWALD ET AL. (2004A)	Klinische Mastitis	alle	105.029	20,0	0,09
		1			0,10

KOIVULA ET AL. (2005) zeigt eine Häufung des Auftretens Klinischer Mastitiden in den ersten 8 Wochen nach der Kalbung (Tabelle 8). Das heißt, etwa die Hälfte der erkrankten Tiere erkrankt zu Laktationsbeginn. Die Frequenzen bei diesem Datenmaterial sind in Tabelle 8 dargestellt und liegen etwas niedriger als bei HERINGSTAD ET AL. (2005).

Tabelle 8: Verteilung des Auftretens der Klinischen Mastitis nach der Abkalbung (KOIVULA et al., 2005)

	Erste Laktation		Zweite Laktation	
Wochen nach Kalbung	n	%	n	%
1 bis 8	5458	52,8	2806	45,6
9 bis 16	980	9,5	928	15,1
17 bis 24	842	8,1	666	10,8
25 bis 32	713	6,9	468	7,6
33 bis 40	567	5,5	356	5,8
41 bis 48	816	7,9	450	7,3
> 49	967	9,4	479	7,8

Die Heritabilitäten bei KOIVULA ET AL. (2005) lagen für Klinische Mastitis mit 0,02 (0,003 – 0,004) in der ersten und der zweiten Laktation sehr niedrig. Hier wurde ein Mehrmerkmals-Vatermodell genutzt (REML, DMU). Diese Ergebnisse zeigen, dass mit dem Schwellenwertmodell höhere Heritabilitäten zu schätzen sind.

In einer Arbeit von NEGUSI (2005) wurden genetische Schätzungen und Restkorrelationen zwischen Klinischer Mastitis, SCS und Produktionsmerkmalen mit Hilfe eines Linearen (LM) und eines Schwellenwertmodells (SWM) berechnet. Klinische Mastitis wurde als kontinuierliches Merkmal im Linearen Modell und als binäres (0/1) Merkmal im Schwellenwertmodell im Zeitraum von 7 Tagen vor und 150 Tagen nach der Kalbung betrachtet. Die Produktionsmerkmale waren Milch-, Eiweiß- und Fettleistung während einer Laktationslänge von 305 Tagen. Das Datenmaterial beläuft sich auf 119.000 erstlaktierenden Ayrshire-Kühen. Es wurden alle Väter einbezogen, die mindestens 20 Töchter vorweisen konnten. Die Heritabilitäten für Klinische Mastitis lagen bei 0,02 (LM) und 0,061 (SWM). Für SCS lagen die Heritabilitäten bei beiden Modellen bei 0,123 und die genetischen Korrelationen bei 0,63. ZWALD ET AL. (2004A) ermittelte Heritabilitäten für Mastitis von 0,10 für die erste Laktation und 0,09 für alle Laktationen.

Bei einer Untersuchung zur subklinischen Mastitis mit Erregerspezifikation konnten Heritabilitäten von 0,051 (0,029) für Milchprobe mit Befund, 0,066 für das Auftreten von Koagulase negative Staphylokokken (CNS) und 0,030 (0,034) für den Befund mit Staphylokokkus aureus geschätzt werden (SCHAFBERG ET AL., 2005). Bakteriologische Untersuchungen von Milchproben zeigen eine Infektion an. Dieses gilt bei subklinischer Mastitis vor allem bei dem Erregernachweis von CNS.

Somatische Zellzahl

Die Heritabilitäten für SCS liegen bei KOIVULA ET AL. (2005) bei 0,07 in der ersten bzw. 0,08 in der zweiten Laktation. Genetische Korrelationen zwischen Klinischer Mastitis und SCS werden in dieser Literaturquelle mit 0,59 in der ersten bzw. 0,69 in der zweiten Laktation angegeben. Diese hohen positiven Beziehungen zwischen Mastitis und SCS zeigen, dass beide Merkmale ein Ausdruck für die Eutergesundheit sind. So würde die Nutzung beider Merkmale in der Zuchtwertschätzung zu genaueren Zuchtwerten für die Mastitisresistenz führen.

Forschungsarbeiten an HF-Kühen in Kroatien durch MIJIC ET AL. (2004) zeigen einen Zusammenhang zwischen der Milchflusskurve und der Anzahl somatischer Zellen. Die kleinste Anzahl somatischer Zellen in der Milch wurde während der kurzen Dauer der Anstiegsphase ($\leq 0,40\text{min}$) und dem hohen Quotienten zwischen der Plateau- und der Dauer der Abstiegsphase ($> 1,20$) nachgewiesen. Die ermittelten Korrelationskoeffizienten zeigen, dass sich durch züchterische Maßnahmen, einige Melkeigenschaften verbessern ließen, wobei mit einer Verlängerung der Plateauphase bei gleichzeitiger Verkürzung der Anstiegs- und Abstiegsphase ($r = -0,25$ und $-0,27$), sich die Anzahl somatischer Zellzahl verringern ließe. Eine Berücksichtigung des erwünschten Milchflusskurvenverlaufes bei der Selektion der Bullenväter und Bullenmütter könnte zu einer Reduzierung der somatischen Zellzahl sowie zur Verbesserung der Eutergesundheit beitragen.

2.5 Stoffwechselerkrankungen

Zusammenstellungen aus der Literaturrecherche von FIEDLER ET AL.(2004) ergaben Heritabilitätsschätzungen von 0,00 bis 0,39 für Klinische Ketose, von 0,00 bis 0,04 bei Gebärpause und von 0,00 bis 0,51 für Labmagenverlagerung. Neuere Schätzungen für Stoffwechselerkrankungen folgen in diesem Abschnitt und liegen im Durchschnitt etwas höher als aus älteren Literaturquellen.

In Tabelle 9 ist die Häufigkeit des Auftretens von Stoffwechselerkrankungen und die Heritabilitäten bei unterschiedlichen Autoren und Datenumfang aufgezeigt.

Tabelle 9: Mittlere Frequenzen und Heritabilitäten bei Stoffwechselerkrankungen

Quelle	Erkrankung	Laktation	Anzahl Tiere	Frequenz (%)	Heritabilität
HERINGSTAD ET AL. (2005)	Gebärparese	1	372.227	0,1	0,09
		2	247.692	1,9	0,11
		3	147.051	7,9	0,13
	Ketose	1	372.227	7,5	0,14
		2	247.692	13,0	0,16
		3	147.051	17,2	0,15
ZWALD ET AL. (2004A)	Labmagenverlagerung	alle	75.252	3,0	0,18
	Ketose	alle	52.898	10,0	0,15

HERINGSTAD ET AL. (2005) wertete in seinen Untersuchungen zum Einfluss der Laktation ein Datenmaterial aus den Jahren 1978 bis 1998 aus. Die Frequenzunterschiede zwischen den Laktationen zeigen eine sehr viel höhere Anfälligkeit bei der Gebärpause mit zunehmender Laktationsnummer. Ähnlich verhält es sich bei der Ketose. Die Heritabilitäten für Gebärpause steigen im Verlauf der Laktationsnummer von 0,09 (0,021) über 0,11 (0,013) bis auf 0,13 (0,011) in der dritten Laktation an. Bei Ketose liegt der höchste genetische Einfluss in der zweiten Laktation mit $h^2 = 0,16$ (0,009) vor. In der Ersten ist $h^2 = 0,14$ (0,008) und in der Dritten ist $h^2 = 0,15$ (0,010). ZWALD ET AL. (2004A) ermittelte Heritabilitäten für das Auftreten von Labmagenverlagerung von 0,18 für die erste Laktation und 0,15 für alle Laktationen. Bei Ketose lagen diese Schätzwerte bei 0,11 bzw. 0,06.

2.6 Beziehungen zwischen Erkrankungen

HERINGSTAD (2005) untersuchte die genetischen Korrelationen zwischen dem Auftreten von Klinischer Mastitis, Gebärpause, Ketose sowie dem Nachgeburtverhalten über und innerhalb der ersten drei Laktationen. Die engste Beziehung wurde zwischen Gebärpause und Ketose (0,19 bis 0,40) und die geringste zwischen Gebärpause (-0,10 bis 0,21) oder Ketose (-0,05 bis 0,07) und Nachgeburtverhalten.

ZWALD ET AL. (2004B) analysierte an einem sehr umfangreichen Datenmaterial in den USA Korrelationen zwischen verschiedenen Erkrankungen. Die Datenerfassung erfolgte durch die Betriebe selber. In Tabelle 10 sind die Heritabilitäten und genetischen Korrelationen dargestellt.

Tabelle 10: Heritabilitäten (Diagonale) und genetische Korrelationen (unter der Diagonalen) für verschiedene Erkrankungen (ZWALD et al., 2004b)

	Labmagen- verlagerung	Ketose	Mastitis	Lahmheit	Ovarial- zysten	Metritis
Labmagen- verlagerung	0,14 ± 0,03	0,45 ± 0,16	0,08 ± 0,17	0,07 ± 0,14	0,17 ± 0,27	0,08 ± 0,14
Ketose		0,06 ± 0,02	0,17 ± 0,21	0,19 ± 0,21	0,42 ± 0,23	0,17 ± 0,20
Mastitis			0,09 ± 0,01	0,20 ± 0,20	0,11 ± 0,22	-0,01 ± 0,15
Lahmheit				0,04 ± 0,01	0,16 ± 0,27	0,07 ± 0,20
Ovarial- zysten					0,04 ± 0,01	0,03 ± 0,26
Metritis						0,06 ± 0,01

Eine enge Korrelation mit $r_g = 0,45$ liegt zwischen Labmagenverlagerung und Ketose sowie mit $r_g = 0,42$ zwischen Ketose und Ovarialzysten vor. Korrelationen im Bereich von $r_g = 0,16$ bis $r_g = 0,20$ liegen bei Mastitis und Lahmheit, bei Ketose und Lahmheit sowie Lahmheit und Ovarialzysten vor.

2.7 Persistenz

In einer Untersuchung von HARDER ET AL. (2005) wurde der Einfluss der Persistenz während der Laktation auf das Erkrankungsgeschehen bei HF Tieren ausgewertet. Unter Persistenz versteht man die Fähigkeit der Kuh, die Milchleistung über den Verlauf der Laktation hinweg auf einem bestimmten Niveau zu halten. Eine hohe Persistenz bewirkt daher einen flacheren Verlauf der Laktationskurve. Das Leistungsmaximum verläuft etwas niedriger, was sich positiv auf die Trächtigkeitsrate zu diesem Zeitpunkt auswirkt. Es wurden genetische Korrelationen zwischen der Persistenz der Milchleistung, des Fett- und Eiweißertrages, der Energie und das Auftreten von Eutererkrankungen, Stoffwechsel-, Fruchtbarkeit- und Klauen- und Gliedmaßenkrankungen geschätzt. Die These, dass durch eine gute Persistenz weniger Gesundheitsprobleme aufgrund geringerer Stoffwechselbelastung zu Beginn der Laktation auftreten würden, bestätigt sich nur teilweise. Es zeigt sich eine signifikant positive Korrelation zwischen der Persistenz für Milchleistung und des Fett- und Eiweißertrages zu Klauen- und Gliedmaßenkrankungen. Dagegen treten negative genetische Korrelationen zwischen den Persistenzmerkmalen und Stoffwechselerkrankungen auf. Demnach scheint es fraglich, Persistenz als Merkmal für die Verbesserung der Gesundheitsmerkmale in der Zuchtwertschätzung einsetzen zu können.

2.8 Züchterische Verbesserung bei Kälberverlusten (Totgeburten)

Hohe Schwer- und Totgeburtenraten wirken sich negativ auf die Wirtschaftlichkeit in der Milchviehhaltung aus. Folgen daraus können den Totalverlust des Kalbes, Tierarztkosten, Arbeitszeit, erhöhtes Risiko von Gesundheits- und Fruchtbarkeitsstörungen, den Abgang der Kuh und eine Leistungsminderung umfassen.

STEINBOCK ET AL. (2005) werteten ein Datenmaterial von 800.000 Erstlaktierenden und 670.000 Zweitlaktierenden Kühen hinsichtlich Totgeburt und Kalbeverlauf aus. Für das Merkmal Totgeburt wurde eine Heritabilität von nur 0,035 in der ersten Laktation und 0,025 in der zweiten Laktation geschätzt. Beim Kalbeverlauf lagen die Schätzungen bei $h^2 = 0,023$ für den direkten Effekt und bei $h^2 = 0,008$ bis 0,021 für den maternalen Effekt. Die genetischen Korrelationen zwischen erster und zweiter Kalbung lagen bei 0,8. Somit können die zwei Laktationen als das gleiche Merkmal angesehen werden.

STAMER ET AL. (2005) analysierten den Einfluss der Tragezeit auf die Totgeburtenrate und den gestörten Geburtsverlauf. Die Heritabilitäten wurden mit einem Mehrmerkmalsmodell unter Nutzung von REML geschätzt. Die Heritabilitäten und genetischen Korrelationen sind in Tabelle 11 dargestellt.

Tabelle 11: Heritabilitäten (Diagonale) und genetische Korrelationen (unter der Diagonalen) für die Kalbemerkmale (STAMER ET AL., 2005)

	(1)	(2)	(3)	(4)
(1) Geburtsverlaufsstörungen	0,06			
(2) Totgeburt	0,26	0,02		
(3) Tragezeit	0,33	0,12	0,67	
(4) Geburtsgewicht	0,68	0,33	0,47	0,62

Die Ergebnisse in Tabelle 11 zeigen hohe Heritabilitäten bei der Tragezeit und beim Geburtsgewicht, aber keine klaren Zusammenhänge zum Geburtsverlauf und den Totgeburten.

3 Material und Methode

3.1 Auswahl der Testbetriebe

Weil die Prüfung funktionaler Merkmale Teil eines Testherdensystems des SRV sein soll, wurden die Untersuchungen auf die Betriebe konzentriert, die bereit waren, ein vertragsgebundenes Projekt zur Einführung eines Testherdensystems zu unterstützen. In enger Zusammenarbeit mit dem Sächsischen Rinderzuchtverband e.G. wurde in Vorgängerprojekten eine Checkliste für potentielle Testbetriebe entworfen. Insgesamt 95 sächsische Herdbuchbetriebe wurden auf diese Weise zu ihrer Eignung und Bereitschaft zur vertraglichen Bindung geprüft.

Folgende Anforderungen werden an die vertraglich gebundenen Testherden gestellt:

- MLP-Mitglied und Mitgliedschaft im Herdbuch
- Betriebsgröße > 50 Kühe bzw. mind. 20 Test-EB pro Jahr
- Mindestanforderung bzgl. Leistung: 210 Eiweiß-kg in der 1. Laktation
- Nutzung aller Zweitkalbskühe für Test-Anpaarungen und bis zu 30 % der Färsen
- Abnahme der vom Zuchtverband vorgegebenen Bullen und Sicherung der zufälligen Anpaarung der Testbullen; keine Vorselektion der zur Testanpaarung vorgesehenen weiblichen Tiere
- Sicherung eines Besamungszeitraumes je Testbulle von maximal 2 Monaten
- Minimierung der Selektion weiblicher Testbullenkälber von der Geburt bis zur tragenden Färsen (max. 20 %)
- Minimierung der Abgänge bis zum 240. Laktationstag (< 30 %)
- Mitarbeit bzw. Unterstützung bei der zusätzlichen Datenerhebung und Vorbereitung der Tiere (Klassifizierung, Fotografieren, Schauvorbereitung)
- Nutzung der vorgegebenen Herdenmanagementprogramme für die zusätzliche Datenerhebung und Pflege der entsprechenden Dateien (z.B. Gesundheit)
- Teilnahme an den einschlägigen Tilgungsprogrammen zur Sicherung einer hohen Tiergesundheit
- Mitarbeit der Tierärzte bei der korrekten Diagnosestellung und Dokumentation
- Möglichkeit zur Erfassung der täglichen Milchmengen

Von den angeschriebenen Betrieben wurden 12 Betriebe zur Mitarbeit am Testherdenprojekt gewonnen. Das LVG Köllitsch gilt dabei als Referenzbetrieb. In den Betrieben stehen ca. 8.400 aktive Herdbuchkühe (Ø 646 Tiere je Betrieb von 80 bis 1.800) mit etwa 4.500 Testanpaarungen. Die durchschnittliche 305-Tage-Leistung in den Testbetrieben liegt zwischen 8.000 und mehr als 10.000 kg Milch pro Kuh.

In den Vorgängerprojekten wurden folgende Bedingungen für die Datenerfassung und den reibungslosen Datentransfer in den Betrieben geschaffen, die auch im laufenden Projekt noch intensiv genutzt werden.

- Einrichtung des Herdenmanagementprogrammes Herde-Windows der Firma DSP Agrosoft Paretz
- Kopplung von Melkprozessor und Herdenmanagementprogramm zum täglichen Transfer der Milchmengen
- Entwurf eines praktikablen betrieblichen Diagnoseschlüssels
- Schaffung der Voraussetzungen für eine vierzehntägige Datenübergabe an die LfL (Modem, Einrichten eines e-mail-Programmes)
- Schaffung von Möglichkeiten zur Erfassung der Geburtsgewichte bei Kälbern

3.2 Datenerfassung

Gesundheitsmerkmale

Im Rahmen dieses Testherdenprogramms erfassen die Betriebe bei Vorliegen klinischer Symptome alle anfallenden tierärztlichen Erkrankungsdiagnosen im Herdenmanagementprogramm. Seitdem die Betriebe verpflichtet sind, alle Arzneimittelanwendungen zu dokumentieren, verbessert sich die Datenqualität bei den Gesundheitsmerkmalen stetig. Um eine möglichst einheitliche Erfassung von Erkrankungen in den Testherden zu realisieren, wurden die züchterisch und ökonomisch bedeutsamsten Krankheiten des Rindes aus den Krankheitskomplexen Klauen/ Gliedmaßen, Euter, Kälberkrankheiten, Stoffwechsel, Fruchtbarkeit und Verhaltensstörungen definiert. Diese wurden mit einer Tierärztin (ULLRICH 2006) herausgesucht und im Rahmen eines Ländertreffens der Landesanstalten Thüringen, Mecklenburg-Vorpommern und Sachsen sowie der Universität Kiel noch einmal eingegrenzt (ein Beispiel ist in Tabelle 12). Die Zuordnung aller Staufenschlüssel zu den definierten Erkrankungen erfolgte in HERDE (Beispiel in Tabelle 13).

Die festgelegten Erkrankungen sind von allen Betrieben als „kleinster gemeinsamer Nenner der Krankheitserfassung“ im HERDE-Programm mit dem betriebsindividuellen Diagnoseschlüssel zu dokumentieren. Eine stärkere Untergliederung, beispielsweise nach Euterhälften ist den Betrieben dabei freigestellt. Einige aufgeführte Erkrankungen sind Untergruppen zu den bereits zugeordneten Erkrankungen. Beispielsweise ist in unserer Zuordnung die Gebärmutterhalsentzündung der Endometritis zuzuordnen, in den festgelegten Mindeststandards ist diese jedoch separat aufgeführt. Eine konsequente Schulung über die Erfassung dieser Merkmale erscheint damit schwierig, da eine gültige Zuordnung in beiden Kategorien möglich ist. Trotzdem ist eine Beschränkung auf den angeführten Mindeststandard zu empfehlen und dieser wurde auch bereits in den Betrieben umgesetzt. Ein Beispiel für die beschriebene Doppelung findet sich in der Tabelle 12 und Tabelle 13. Zu beachten ist, dass die Anzahl der Tiere in beiden Tabellen differiert, da einige Tiere in mehreren Unterschlüsseln auftauchen in der Zusammenfassung jedoch nur einmal.

Tabelle 12: Beispiel für die Zuordnung einzelner Stufenbielschlüssel zu den Erkrankungen

Zuordnung	Stufenbiel-Schlüssel	Erkrankung	Anzahl Tiere
Fr3	2.01.07.	Gebärmutterhals	31
	2.01.07.01.	Entzündung des Gebärmutterhals	4
	2.01.08.	Uterus / Gebärmutter	41
	2.05.01.	Uterus / Gebärmutter	1
	2.05.01.01.	Gebärmutterschleimhautentzündung	3076
	2.05.01.01.01.	E1 Endometritis catarrhalis	585
	2.05.01.01.02.	E2 Endometritis mukopurulenta	2105
	2.05.01.01.03.	E3 Endometritis purulenta	2325
	2.05.01.01.04.	E4 Pyometra	968

Tabelle 13: Beispiel für festgelegte Mindeststandards im Bereich der Fruchtbarkeit

Fruchtbarkeit			
•	Gebärmutterhalsentzündung (Cervicitis)	2.01.07.01.	(Fr3)
•	Endometritis (Gebärmutterschleimhaut)	Siehe Tabelle 12	Fr3
			7090

Weil der betriebseigene Schlüssel zum größten Teil zwischen den Betrieben unterschiedlich codiert ist, wurde eine Möglichkeit gefunden, einen exakten und über alle Betriebe gleichen Schlüssel hinter die jeweiligen Betriebsschlüssel zu hinterlegen (Beispiel siehe Abbildung 2). Die Betriebe können ihren gewohnten Diagnoseschlüssel weiter verwenden, dafür fällt die Umschlüsselung in einer Access-Datenbank weg.

Die Dokumentation für die betriebseigenen Diagnoseschlüssel sind unter HERDE → Service → Einrichten → Schlüssel zu finden (Abbildung 1).



Abbildung 1: Pfad für das Eingeben der Diagnoseschlüssel

Die Erkrankungsdiagnosen sind in die Komplexe Diagnose Euter, Diagnose Bewegungsapparat, Diagnose Fruchtbarkeit, Diagnose Kälberkrankheiten, Diagnose Infektion/ Seuchen, Diagnose sonstige, Diagnose Stoffwechsel und Diag. Symptome/ Sonst. Stör. eingeteilt (Abbildung 2). Die Diagnosen teilen sich in fest vergebene Diagnoseschlüssel und betriebsindividuell erweiterbare Diagnoseschlüssel ein. Die fest vergebenen Schlüssel können nur durch DSP Agrosoft verändert werden. Die betriebsindividuellen zusätzlichen Schlüssel wurden durch den Betrieb ergänzt und sind in allen Betrieben anders definiert. Wichtig ist, dass keine Löschung bzw. Überschreibung der Schlüsselnummern („Nummer“) oder eine inhaltliche Textänderung („Text“) vorgenommen wird, da dann die Zuordnung für zurückliegende Datensätze verloren geht. Ein Neuanlegen ist hingegen möglich. Im Projekt wurde der Stufenbiel-Code („Zentraler Diagnoseschlüssel Rind“) für alle Diagnosen in den Betrieben zugeordnet.

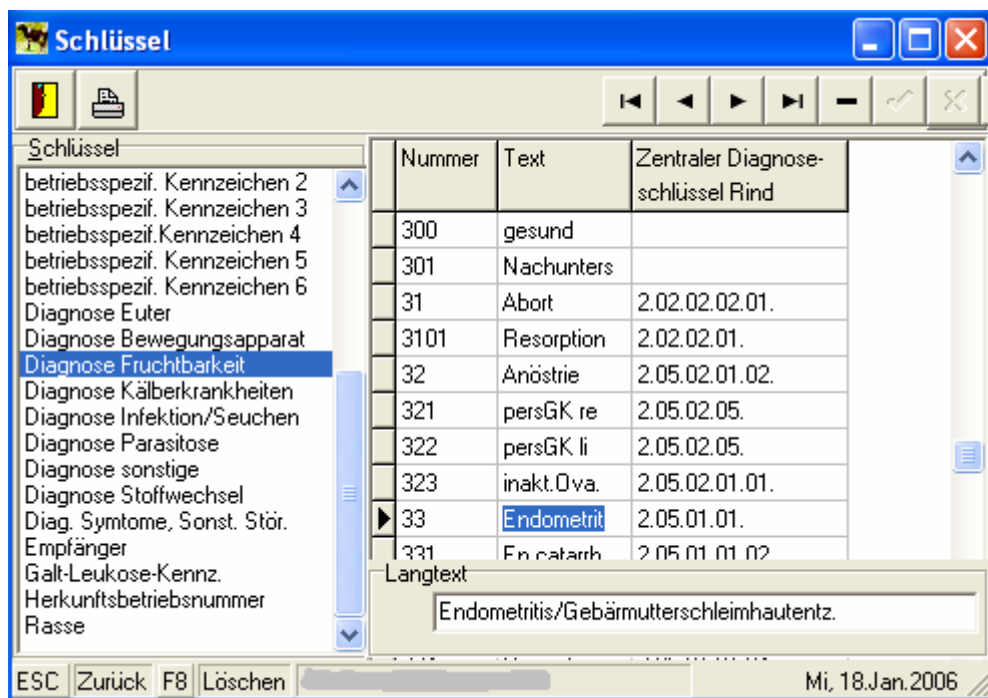


Abbildung 2: Erkrankungskomplexe (links) und Erkrankungsdiagnosen (rechts) in HER-DE

In HERDE ist der vollständige Diagnoseschlüssel hinterlegt, so dass es möglich ist, den Stufenbiel-Schlüssel sofort zuzuordnen, falls eine neue Diagnose angelegt werden soll (Abbildung 3).

Alle relevanten betriebsindividuellen Schlüssel sind also eindeutigen Stufenbielkennzeichnungen zuzuordnen. Wie in Abbildung 2 dargestellt, können unterschiedliche betriebliche Schlüssel jedoch auch identischen Stufenbiel-Kodes zugeordnet werden, so dass auch eine betrieblich stärkere Unterteilung der Erkrankungen (z.B. nach Euterhälften oder wie im Beispiel nach Auftreten des Gelbkörpers am Ovar) bzw. auch ein Eintragen an mehreren Stellen möglich ist.

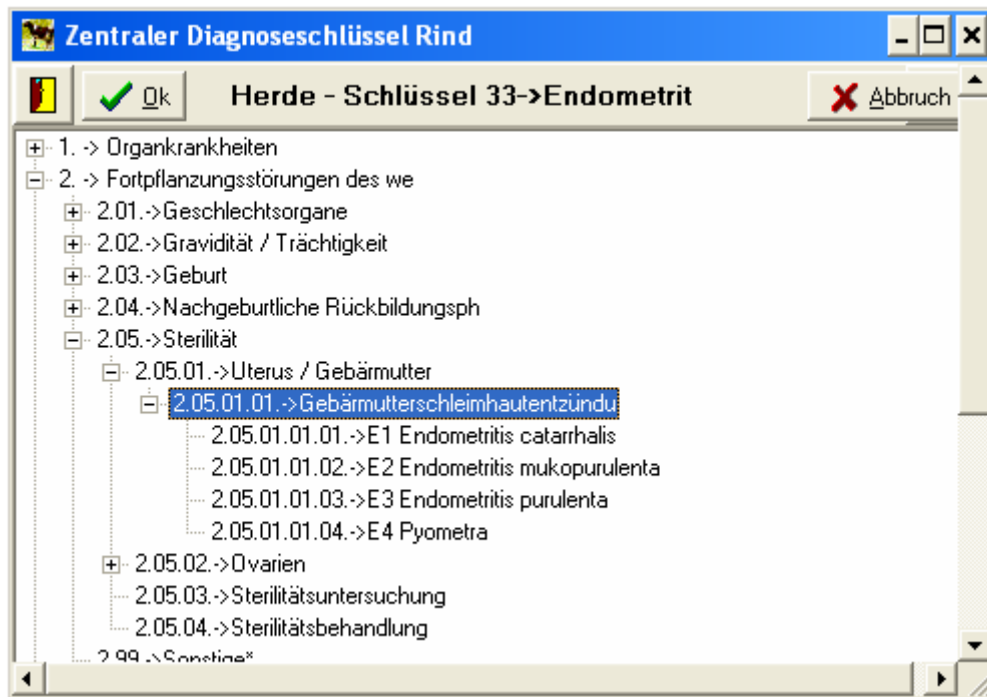


Abbildung 3: Ausführlicher Stufenbielschlüssel, der als Diagnoseschlüssel Rind in HERDE hinterlegt ist

Eine Unterscheidung zwischen Diagnosen und Behandlungen ist bis zum derzeitigen Versionstand in HERDE nicht möglich. Eine Trennung ist aber bereits mit der Firma DSP Agrosoft besprochen worden und soll auch in der nächsten Programmversion umgesetzt sein.

Die gewünschte Erfassung aller „Konsensmerkmale“ kann nur über eine enge Zusammenarbeit mit den Betrieben erfolgen. Dazu bedarf es einen routinemäßigen Kontakt um einen Abgleich zwischen den betriebsindividuellen Schlüsseln auf den inhaltlich richtigen Stufenbiel-Kode zu ermöglichen, was eine Neuanlage von Schlüsseln in den Betrieben einschließt. Weiterhin ist eine ständige Erfolgskontrolle notwendig, ob die Krankheiten auch in der erwünschten Qualität erfasst werden, notwendige Analysen der teils unterschiedlichen Erkrankungshäufigkeiten zwischen den Betrieben sind dazu vorzubereiten und wurden im Projektzeitraum durchgeführt. Dazu wurden in der Vergangenheit diverse Gespräche mit den verantwortlichen Tierärzten bzw. Stallverantwortlichen geführt. Ein weiterer Ausbau der Betreuung und evtl. einer gemeinsamen Schulung zur Erkennung und Abgrenzung von Erkrankungen ist bei einer Erweiterung der Testherden aber dringend geboten.

Geburtsverlauf und Geburtsstörungen

Neben den Erkrankungen ist der Geburtsverlauf genau zu erfassen. Die Erfassung des Kalbeverlaufs erfolgt nach dem ADR-Schlüssel, wobei dieser im Oktober 2005 in der Definition der Kategorien geändert wurde. Diese Unterschiede in der Merkmalsdefinition sind bei Auswertungen unbedingt zu beachten. Der aktuell angewendete Schlüssel ist in der Tabelle 14 dargestellt.

Tabelle 14: Erfassungsschlüssel für den Kalbeverlauf (ADR, 10/ 2005)

Klasse	Bewertung	Interpretation
0	keine Angabe	nicht beobachtet bzw. keine Angabe verfügbar
1	leicht	ohne Hilfe oder Hilfe nicht nötig, Nachtabkalbung
2	mittel	ein Helfer oder leichter Einsatz mechanische Zughilfe
3	schwer	mehrere Helfer, mechanische Zughilfe und/oder Tierarzt
4	Operation	Kaiserschnitt, Fetotomie

Geburtsgewichte

Neben der Erfassung der Erkrankungen sind die Geburtsgewichte der Kälber zu ermitteln und bei der Geburtsmeldung im HERDE-Programm einzugeben. Nur wenige Betriebe wiegen alle Kälber konsequent und nutzen diese Daten für ihr betriebliches Management. Vier Betriebe wiegen alle Kälber routinemäßig seit vielen Jahren. In einem weiteren Betrieb werden die Geburtsgewichte aufgrund jahrelanger Erfahrungen der Betriebsleiterin als Kälberhändlerin geschätzt. Eine Unterscheidung der Einzelwerte nach gewogen oder geschätzt ist nicht möglich, weil jedoch nur ein Betrieb schätzt, sind alle anderen Werte Wägungen.

3.3 Datentransfer

Die betrieblichen Daten werden manuell erfasst und in das Herdenmanagementprogramm eingegeben bzw. automatisch über die angegebenen Prozessrechner eingespielt. Die täglichen Milchmengen werden über einen täglichen Datenaustausch zwischen Melkprozessor und HERDE-Programm überspielt. Die Daten der Milchleistungsprüfung und Veränderungen in den Tierbestandsdaten werden per Modem über den LKV Sachsen aktualisiert. Weiterhin liefert das VIT halbjährlich eine Datei mit den Stammdaten der aktiven Tiere an die Betriebe, somit wird eine Fehlerkorrektur in den Abstammungsdaten möglich.

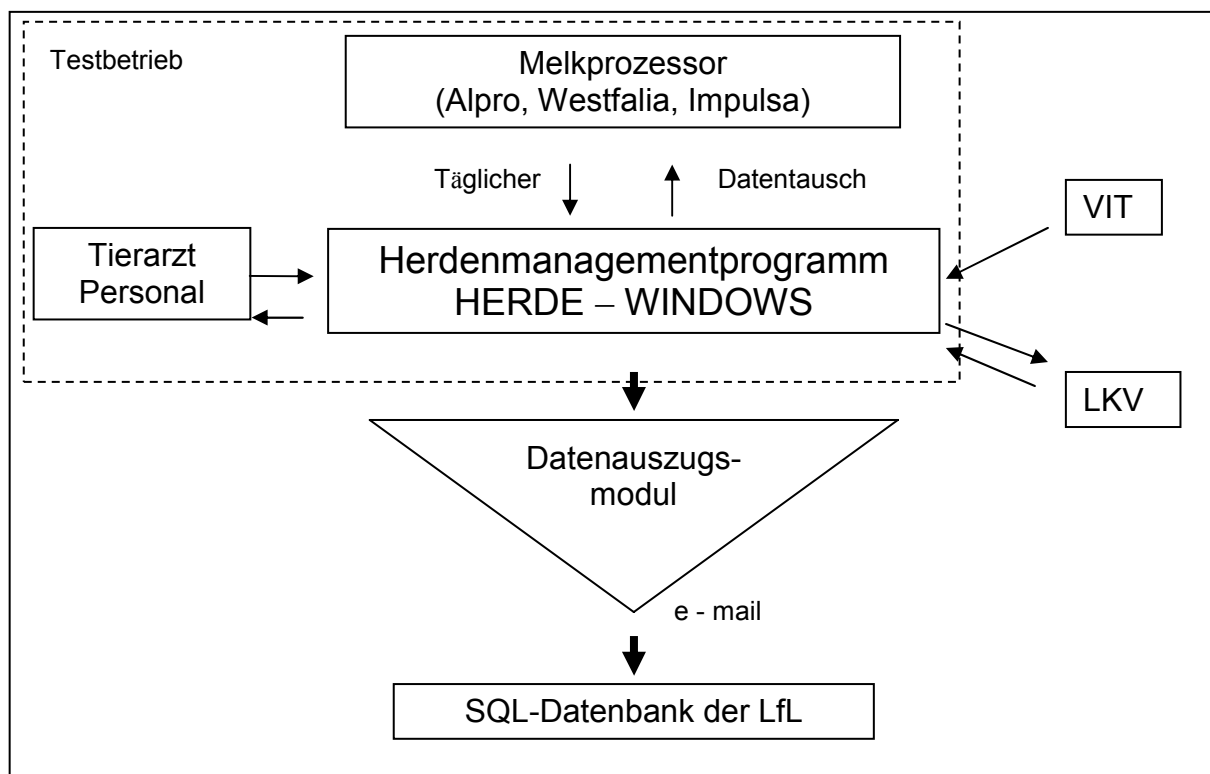


Abbildung 4: Datenfluss vom Betrieb zur Datenbank der LfL

Aufgrund begrenzter Speicherkapazitäten bei der LfL in Köllitsch wurde von der Firma Data-Service-Paretz (DSP) ein Datenauszugsmodul zum selektiven Auslesen betrieblicher Daten aus dem Herdenmanagementprogramm HERDE-Windows programmiert, welches den 14-tägigen Datentransfer per Internet ermöglicht. Auch Korrekturen der betrieblichen Daten durch das Personal werden über dieses Datenauszugsmodul mit in die Datenbank übernommen. Dieser Datenauszug aus dem Herdenmanagementprogramm beinhaltet Informationen zum Bestand, der Besamung, der Kalbung, zu den Erkrankungsdiagnosen, der Milchleistungsprüfung, der täglichen Milchmenge und der hochgerechneten 100 bzw. 305-Tage-Leistung.

Ab Februar 2006 wird der Datenfluss über das Datenauszugsmodul eingestellt und es erfolgt jeweils vor der Zuchtwertschätzung (dreimal im Jahr) eine Komplett-Datensicherung von HERDE in allen Testbetrieben. Grund für den nur noch dreimaligen Datentransfer zur LfL ist der Wegfall der Täglichen Milchmengen. Die Melkbarkeit sowie die Täglichen Milchmengen werden über das Projekt „Nutzungsstrategien Tierbezogener Daten in der Milchwirtschaft in Sachsen“ dokumentiert und bearbeitet. Im weiteren Verlauf dieses Projektes erhält die LfL die gewünschten Daten aus HERDE über einen Datenbankauszug vom LKV. Sobald dieser Datentransfer von den Testbetrieben über den LKV zur LfL intakt ist, entfällt das Holen der Komplett-Datensicherungen aus den Betrieben.

3.4 Plausibilitätskriterien

Die vorgeschlagenen Plausibilitätskriterien aus FIEDLER ET AL. (2004) wurden in diesem Projekt übernommen und weiter ergänzt. Die Anwendung dieser Kriterien in der Datenbank soll unplausible, fehlerhafte oder unvollständige Datensätze sperren. Die Sperrung dieser Datensätze erfolgt in den Tabellen auf der SQL-Datenbank. Dazu wurde eine neue Spalte (dirty) eingeführt, welche den binären Fehlercode enthält. Je nach Aufgabenstellung können dann flexibel Datensätze, die bestimmten Prüfbedingungen unterliegen, ignoriert werden. Zur Veranschaulichung der Vorgehensweise wird im Folgenden ein Beispiel dargestellt.

Datensperrung:

- Tabellen updaten: jedem Plausibilitätskriterium wird ein Binär-Code (Bsp.: $2^1 = 2$, $2^2 = 4$, $2^3 = 8$ usw.) zugeordnet:
- Bei fehlerfreien Datensätzen steht in der Spalte „dirty“ eine 0 (Tabelle 15: DS 6).
- Bei fehlerhaften Datensätzen mit einem Fehler steht der jeweilige Code in der Spalte „dirty“ (Tabelle 15: DS 1 und DS 2).
- Bei fehlerhaften Datensätzen mit mehr als einem Fehler werden die zutreffenden Codes aufaddiert (Abbildung 5 Bsp.: Code 40 \rightarrow Fett <1,5 oder >8,5 & Laktose <3,0 oder >7,0) (Tabelle 15: DS 3 bis DS 5)

Tabelle 15: Beispiel Binär-Code

Prüfkriterien						
	MKG = 0	MKG <2,0 oder >90,0	Fett <1,5 oder >8,5	Eiweiß <1,5 oder >8,5	Laktose <3,0 oder >7,0	Prüfspalte „dirty“
Code	$2^1 = 2$	$2^2 = 4$	$2^3 = 8$	$2^4 = 16$	$2^5 = 32$	
DS 1	1	0	0	0	0	2
DS 2	0	1	0	0	0	4
DS 3	0	1	1	0	0	4 + 8 = 12
DS 4	0	0	1	1	1	8 + 16 + 32 = 56
DS 5	0	1	0	1	0	4 + 16 = 20
DS 6	0	0	0	0	0	0

DS = Datensatz

0 = Prüfkriterium trifft nicht zu

1 = Prüfkriterium trifft zu

Mit Hilfe eines Perl-Skripts wurde die Datenaufbereitung mit dem Programmpaket R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2005) bei Nutzung einer PostgreSQL Datenbank unter Linux durchgeführt.

Zur Rückmeldung an die Betriebe und zur inhaltlichen Datenbankkontrolle werden dann Reports erstellt. Ein Beispiel ist in Abbildung 5 dargestellt. Hier werden die Codes je Tabelle und Betrieb in einem Diagramm aufgeschlüsselt dargestellt. Zusätzlich wird die Anzahl Datensätze und die Fehlerrate angegeben.

Weitere Plausibilitätskriterien können jederzeit ohne viel Aufwand ergänzt werden. In der Tabelle MLP werden ADR-Richtlinien zur Prüfung der Plausibilität eingesetzt.

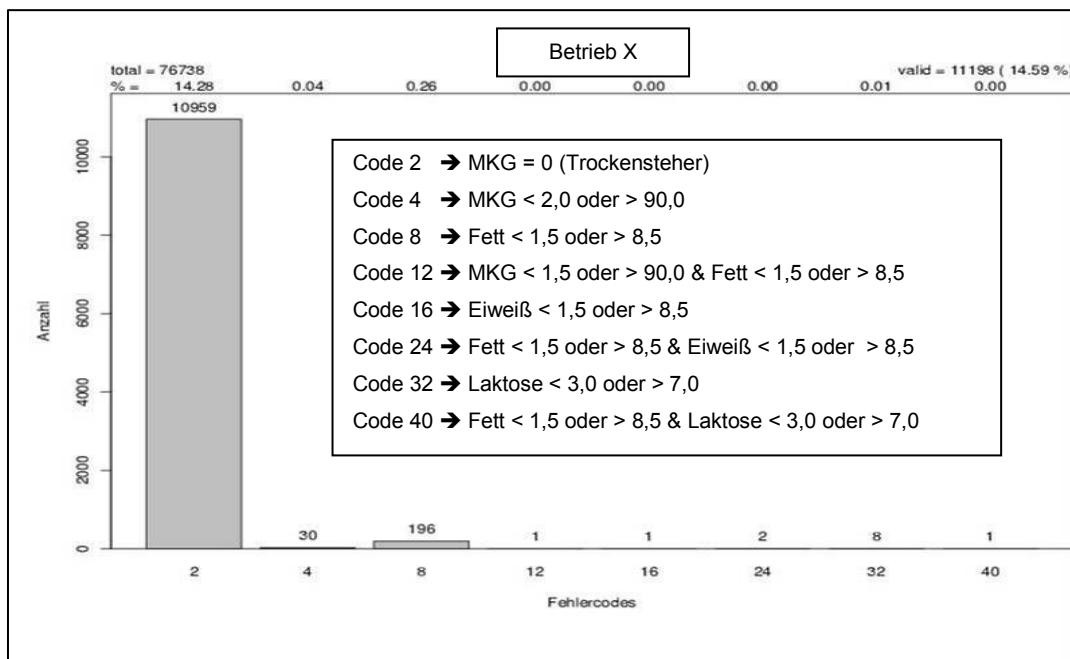


Abbildung 5: Beispiel aus dem Fehlerreport: MLP Betrieb X

3.5 Datenqualität und -quantität

Datenmaterial

Im folgenden Abschnitt wird der Umfang des Datenbestandes vorgestellt. Dabei sind nur die Datensätze berücksichtigt, die sich auf die Jahre nach 2002 beziehen sowie nur die Tiere, welche nach dem 01.01.2002 abgekalbt haben. Warum in Betrieb 7 nur wenige Datensätze vorhanden sind, muss nochmals abgeklärt werden. Es scheint derzeit Probleme mit der Datensicherung in Betrieb 7 zu geben, so dass nach einer Umstellung der Programmversionen hier nicht mehr alle Tiere erfasst werden.

Tabelle 16: Übersicht zum Datenbestand (alle Datensätze)

Be- trieb	Bestand		Besamung		Kalbung		Krank		MLP		305d Leis- tung	
	DS	TZ	DS	TZ	DS	TZ	DS	TZ	DS	TZ	DS	TZ
1	4432	4432	27331	2161	4432	2323	99272	2289	11668 2	2248	13634	2323
2	281	281	1544	145	281	157	2548	147	6416	145	960	180
3	3895	3895	23038	1912	3895	2045	100380	2038	97136	1975	12040	2045
4	3222	3222	21124	1651	3222	1810	109481	1772	70986	1699	9823	1808
5	1828	1828	11001	939	1828	1016	30890	989	42764	990	5228	1016
6	1039	1039	6510	560	1039	593	26136	586	25874	562	3053	599
7	30	30	113	29	30	30	397	29	87	23	819	320
8	3263	3263	22827	1778	3263	1866	80334	1841	77416	1763	9289	1866
9	2819	2819	16552	1320	2819	1422	52847	1371	73147	1384	9209	1438
10	1173	1173	6254	611	1173	658	19154	648	28186	639	3607	658
11	1174	1174	4916	632	1174	676	12724	662	22696 15874	655	3452	676
12	8677	8677	45283	4306	8677	4656	528610	4643	8 10286	4298	27238	4656
13	4264	4264	25275	2161	4264	2310	202778	2284	9	2236	12659	2310
Sum- me	3609 7	3609 7	21176 8	1820 5	3609 7	1956 2	126555 1	1929 9	82300 7	1861 7	11101 1	1989 5

DS = Datensatz

TZ = Tierzahl

3.6 Erkrankungen

Umfang und Analyse der Erkrankungsdaten

Die Dokumentation der Erkrankungen im Herdenmanagement wird von den Stallleitern bzw. den betriebseigenen Tierärzten durchgeführt.

Tabelle 17 zeigt eine Übersicht zum Datenumfang hinsichtlich der Anzahl der Erkrankungsdiagnosen in den einzelnen Betrieben. Auch hier wurden wieder nur die Tiere berücksichtigt, welche nach dem 01.01.2002 abgekalbt haben. Weiterhin ist in der Tabelle das Verhältnis der erkrankten Tiere zu den abgekalbten Tieren berechnet.

Tabelle 17: Übersicht zum Datenumfang der Erkrankungen (von den Behandlungen und Tieren sind Datensätze ohne Staufenzielschlüssel bzw. mit „9.“ ausgeschlossen)

Betrieb	Erkrankungen gesamt	Anzahl erkrank- ter Tiere	Anzahl Tiere ge- samt	Anteil der Tiere, die erkrankt sind (%)
1	42.885	2.018	2.323	86,9
2	446	85	157	54,1
3	34.203	1.878	2.045	91,8
4	52.520	1.630	1.810	90,1
5	14.251	883	1.016	86,9
6	14.047	553	593	93,3
7	128	21	30	70,0
8	26.479	1.706	1.866	91,4
9	32.986	1.204	1.422	84,7
10	9.617	585	658	88,9
11	4.548	533	676	78,9
12	101.485	4.261	4.656	91,5
13	92.970	2.156	2.310	93,3
gesamt	426.565	17.513	19.562	89,5

Tabelle 18 zeigt die Anzahl der erkrankten Tiere in den verschiedenen Erkrankungskomplexen innerhalb der einzelnen Betriebe. Ein Tier kann dabei mehrfach enthalten sein, wenn es verschiedenen Erkrankungsdiagnosen unterlag.

Tabelle18: Übersicht zum Datenumfang der Erkrankungen nach Erkrankungskomplexen (von den Behandlungen und Tieren sind Datensätze ohne Staufenzielschlüssel bzw. mit „9.“ ausgeschlossen)

Betrieb	Anzahl der erkrankten Tiere je Erkrankungskomplex					
	SO	SW	KL	GL	FR	EU
1	470	372	756	87	1.351	1.473
2	22	5	5		45	33
3	412	399	657	186	1.039	1.004
4	691	525	1.102	77	1.105	1.068
5	104	64	278	54	762	532
6	87	259	255	138	512	277
7	10	1	4	1	18	7
8	680	580	293	110	1.489	1.310
9	117	14	12	188	1.028	733
10	145	105	420	285	443	275
11	20	39	46	12	306	424
12	1.290	740	2.939	1.336	2.608	2.369
13	195	1.007	975	747	1914	1.179
gesamt	4.243	4.110	7.742	3.221	12.620	10.684

SO = Sonstige SW = Stoffwechsel KL = Klauen
GL = Gliedmaßen FR = Fruchtbarkeit EU = Euter

In Abbildung 6 ist der Anteil der Einzelbehandlungen nach Krankheitskomplexen und Laktation zusammengefasst. Auch hier sind nur die Behandlungen berücksichtigt, die nach dem Abkalbetermin 01.01.2002 liegen. Stoffwechsel- (SW) und Eutererkrankungen (EU) nehmen mit der Laktationsnummer leicht zu, Gliedmaßenkrankungen (GL) und Fruchtbarkeits- und Geburtsstörungen (FR) gehen anteilmäßig zurück. Die Häufigkeit der Klauenerkrankungen (KL) ist unabhängig von der Laktationsnummer. Zu bedenken ist, dass der Anteil an Stoffwechselerkrankungen wahrscheinlich höher liegt, da Tiere mit schweren SW-Störungen oft ohne eine dokumentierte Behandlungsdiagnose abgehen. Den größten Behandlungsanteil mit ca. 40 % zeigen die Eutererkrankungen.

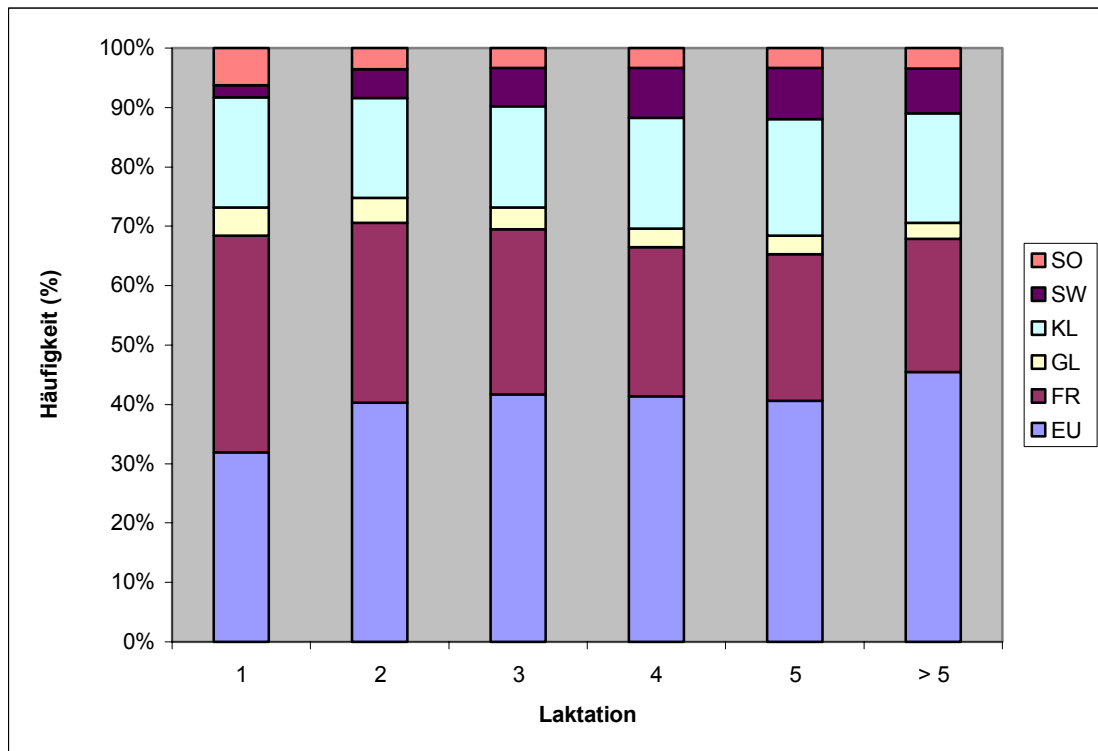


Abbildung 6: Anteil der Erkrankungskomplexe im Verlauf der Laktationen

Für die folgenden Auswertungen stand ein Datenmaterial von 35.553 Kalbungen (1. bis 6. Laktation) aus den Jahren 2002 bis 2005 zur Verfügung. Die Verteilung der Kalbungen über die Laktation ist in Abbildung 7 aufgeführt.

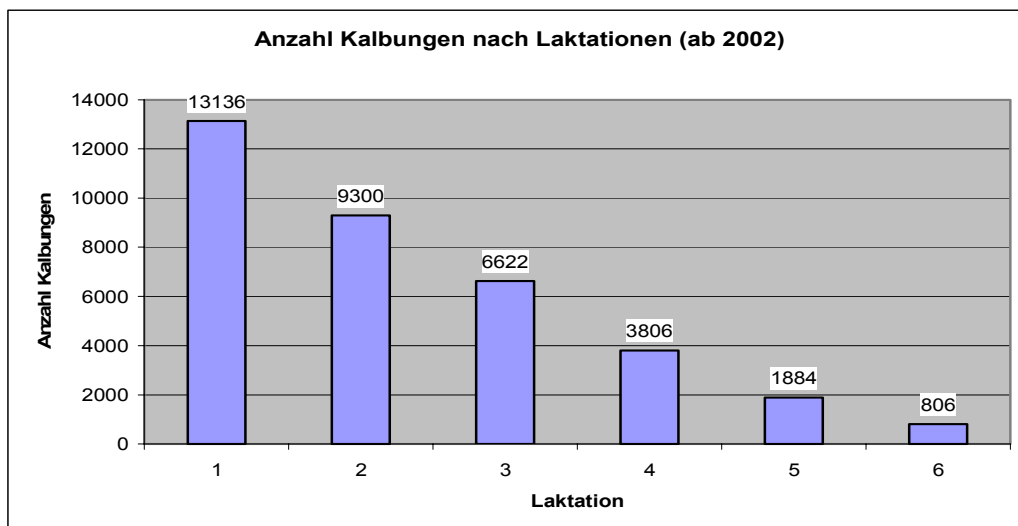


Abbildung 7: Datenmaterial

Abbildung 8 bis Abbildung 11 zeigen die Erkrankungsfrequenzen bei einzelnen Erkrankungskomplexen. Ziel war es, eventuelle Unterschiede im zeitlichen Auftreten der Erkrankungen zu beschreiben. Dabei ist zu beachten, dass in diesem Verlauf auch schon Selektionsmaßnahmen infolge von Erkrankungen oder ähnlichem enthalten sind. Weiterhin sind zwei Drittel der Daten aus den ersten beiden Laktationen und die Repräsentanz der Informationen ab der vierten Laktation auf Grund der Besetzungszahlen fraglich. Zu beachten ist auch, dass die durchschnittliche Nutzungsdauer nur noch 24,5 Monate bzw. 1,9 Laktationen in Sachsen beträgt (Lkv 2006).

Für die Merkmale klinische und subklinische Mastitis hat dsp Agrosoft die Diagnoseschlüssel in HERDE falsch zugeordnet, was zur Folge hat, dass der Anteil klinischer Mastitiden im Verhältnis zu subklinischen zu hoch ausfällt. Das hat auch Auswirkungen auf die Zuchtwertschätzung. Die Fehlzugeordnung wird mit dem neuen Update für HERDE geändert, welches bisher jedoch noch nicht vorliegt. Die Erkrankungshäufigkeiten für die Mastitiden sind in der Abbildung 8 dargestellt, sollen aber auf Grund der Zuordnungsfehler nicht weiter besprochen werden.

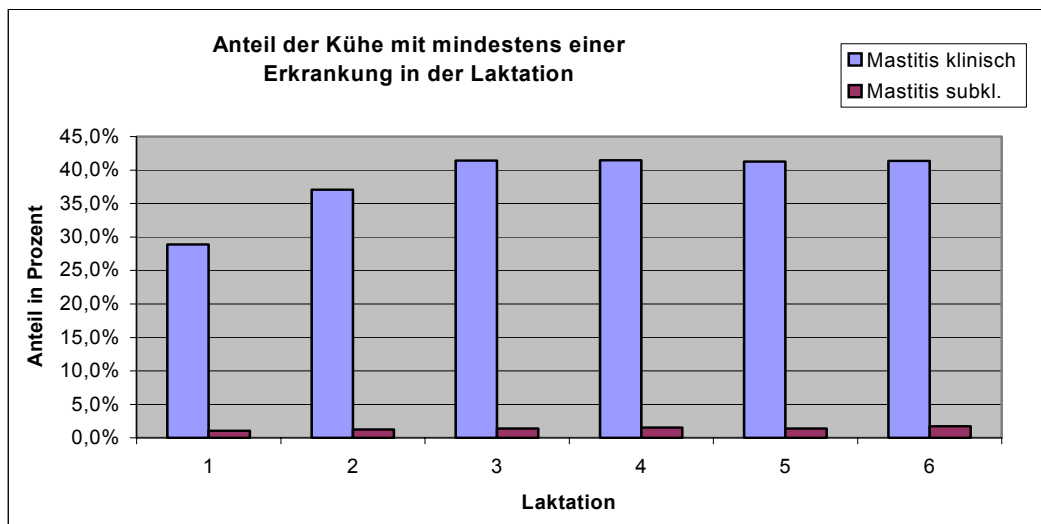


Abbildung 8: Erkrankungsfrequenz Klinische und Subklinische Mastitis

Die Erkrankungsfrequenz für Gebärpärese steigt mit der Laktationsnummer stark an (Abbildung 9). Sind in der ersten Laktation nur 1% der Tiere betroffen, so liegt die Frequenz in der 6. Laktation bei 17%. Dieser Anteil korreliert auch gut mit den Nachgeburtverhalten (siehe Abbildung 11) was ja häufig eine Folgeerscheinung der Gebärpärese ist.

Auch HERINGSTAD ET AL. (2005) finden für die ersten drei Laktationen einen deutlichen Anstieg der Erkrankungsfrequenz für Gebärpärese von 0,1 über 1,9 zu 7,9, was den vorliegenden Daten sehr gut entspricht. Für Ketose ermitteln die Autoren ebenfalls einen Anstieg, welcher jedoch in der Höhe (7,5 – 17,2) deutlich über den hier gefundenen Werten liegt. ZWALD ET AL. (2004A) ermitteln für letztere Erkrankung über alle betrachteten Laktationen Frequenzen von 10%.

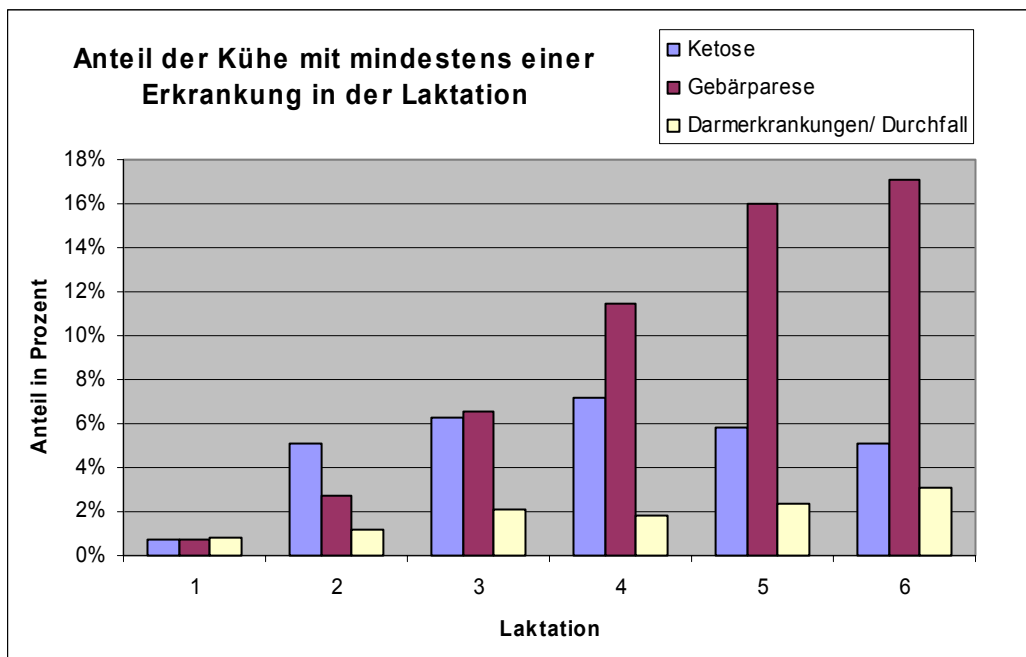


Abbildung 9: Erkrankungsfrequenz Stoffwechselkomplex

Das Auftreten der Klauenerkrankungen ist in Abbildung 10 abgebildet. Dabei steigt die Frequenz im Verlauf der Laktationsnummern an: bei Sohlengeschwür und Ballen- und Klauenfäule um 10%. Bei Panaritium und Klauenwanderkrankungen zeigt sich dieser Trend nicht.

Im Bereich der Klauenerkrankungen ermitteln SWALVE UND KÖNIG (2004) im Schnitt ihrer Analyse von Daten der Lohmener Klauenpflegergenossenschaft 15% Erkrankungshäufigkeiten für das Sohlengeschwür unabhängig von der betrachteten Laktation.

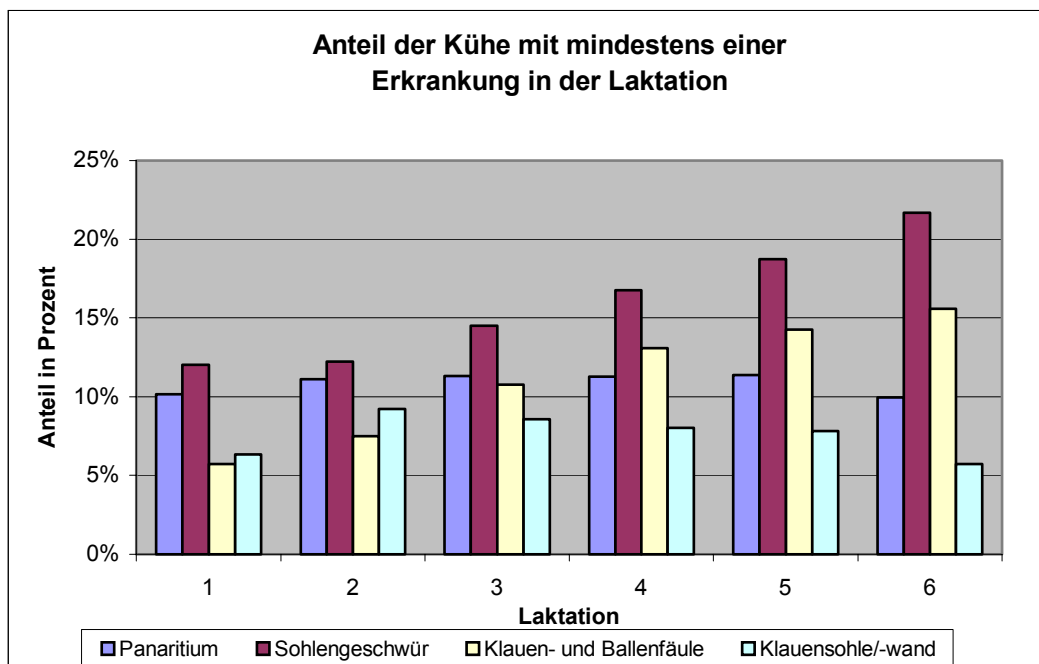


Abbildung 10: Erkrankungsfrequenz Klauenerkrankungen

In Abbildung 11 ist die Erkrankungsfrequenz für den Komplex der Fruchtbarkeitsstörungen dargestellt. Endometritis kommt bei ca. 22 bis 25 % der Tiere in allen Laktationen vor. Zu beachten ist, dass dies häufig eine Folge der ebenfalls dargestellten Erkrankungen Nachgeburtverhalten und Puerperalstörung ist. Der gegenläufige Trend zwischen den möglichen Ursachen Nachgeburtverhalten und Puerperalstörung ist so allerdings nicht erklärbar (ULLRICH 2006). Eine deutliche laktationsabhängige Erkrankungsfrequenz zeigt auch nur das Nachgeburtverhalten.

Für Metritis einschließlich Nachgeburtverhalten sowie Ovarialzysten stellen ZWALD ET AL. (2004A) Frequenzen der Erkrankungshäufigkeit dar und ermitteln Werte von 21 bzw 8 %. Eine Steigerung des Symptoms Nachgeburtverhalten über die Laktationen zeigen HERINGSTAD ET AL. (2005), wobei die Autoren auf deutlich geringere Frequenzen (2,6 – 4,3) kommen.

Über 15 % der Tiere haben Diagnosen bei Anöstrie, Azyklie und Zyklusstörungen. Wobei ein leichter Rückgang in den höheren Laktationen sicher auf das für Selektionsentscheidungen größere Relevanz in diesem Merkmal zu suchen ist.

Insgesamt gibt es für die hier dargestellten Erkrankungen große Unterschiede zwischen den Betrieben. Generell spiegeln diese Zahlen die nicht so optimalen Fruchtbarkeitskennzahlen in manchen Betrieben wider.

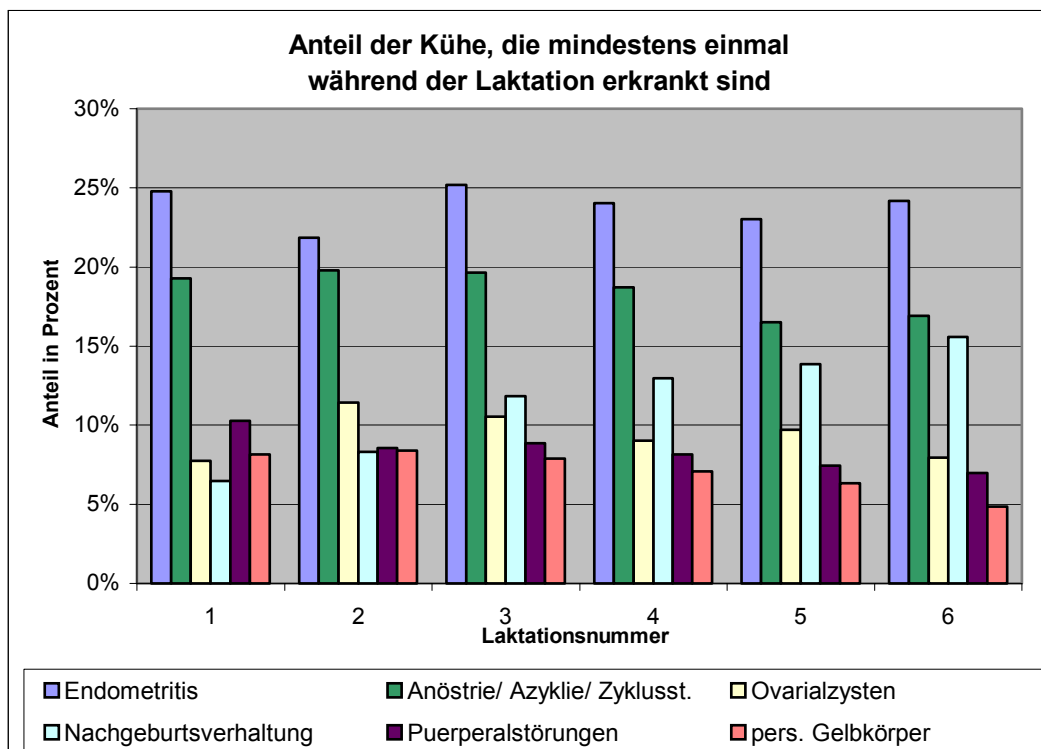


Abbildung 11: Erkrankungsfrequenz Fruchtbarkeitsstörungen

Zur Veranschaulichung der Probleme in der Datenqualität sind in Tabelle 19 betriebliche Unterschiede beim Auftreten von Erkrankungen aus dem Komplex der Fruchtbarkeit dargestellt. Als Merkmale wurden hier die für eine mögliche Zuchtwertschätzung geeigneten Merkmale tiefer analysiert.

Es zeigen sich hier teilweise erhebliche Unterschiede in den Frequenzen, wie bereits im vorherigen Abschnitt erwähnt. Besonders deutlich wird dies auch in den Merkmalen Puerperalstörung und persistierender Gelbkörper. Als Ursache haben zum Einen einige Betriebe tatsächlich bei bestimmten Erkrankungen weniger Probleme als andere, auf der anderen Seite bestehen weiterhin noch Probleme bei der genauen Dokumentation der Diagnosen. Dies ist auch ein erhebliches Problem für die Zuchtwertschätzung für diese Merkmale, worin auch die Begründung für deren Ausschluss liegt.

Tabelle19: Erkrankungsfrequenz der ausgewählten Erkrankungskomplexe in den einzelnen Betrieben (n = Anzahl Tiere; n krank = Anzahl mind. einmal erkrankter Tiere; in % = Erkrankungsfrequenz)

Betrieb	Lakt. n	Endometritis		Anöstrie/ A-zyklie/ Zyklusst.		Ovarialzysten		Nachgeburtsverhaltung		Puerperalstörung		Geburtsstörungen		pers. Gelbkörper	
		n krank	in %	n krank	in %	n krank	in %	n krank	in %	n krank	in %	n krank	in %	n krank	in %
1	4.432	766	17,3%	1.008	22,7%	186	4,2%	664	15,0%	1	0,0%	34	0,8%	1	0,0%
2	3.11	9	2,9%	1	0,0%	20	0,5%	21	0,5%	0	0,0%	3	0,1%	0	0,0%
3	3.895	658	16,9%	4	0,1%	6	0,1%	493	11,1%	569	12,8%	57	1,3%	6	0,1%
4	3.222	1.286	39,9%	147	3,3%	149	3,4%	365	8,2%	351	7,9%	37	0,8%	2	0,0%
5	1.828	784	42,9%	663	15,0%	228	5,1%	248	5,6%	0	0,0%	0	0,0%	5	0,1%
6	1.047	641	61,2%	339	7,6%	183	4,1%	202	4,6%	1	0,0%	27	0,6%	451	10,2%
7	473	142	30,0%	268	6,0%	129	2,9%	36	0,8%	13	0,3%	24	0,5%	3	0,1%
8	3.263	727	22,3%	372	8,4%	399	9,0%	154	3,5%	2.036	45,9%	56	1,3%	2	0,0%
9	2.306	26	1,1%	997	22,5%	238	5,4%	240	5,4%	0	0,0%	13	0,3%	69	1,6%
10	1.173	284	24,2%	94	2,1%	99	2,2%	218	4,9%	43	1,0%	1	0,0%	0	0,0%
11	1.174	36	3,1%	2	0,0%	261	5,9%	138	3,1%	0	0,0%	2	0,0%	28	0,6%
12	8.677	2.376	27,4%	1.892	42,7%	781	17,6%	121	2,7%	7	0,2%	64	1,4%	0	0,0%
13	4.263	872	20,5%	1.127	25,4%	737	16,6%	470	10,6%	259	5,8%	106	2,4%	2.253	50,8%
Mittelwert	2.774	662	23,8%	532	12,0%	263	5,9%	259	5,8%	252	5,7%	33	0,7%	217	4,9%

Daten der Lohmener Klauenpflegegenossenschaft

In vier Betrieben wird der Klauenschnitt durch die Lohmener Klauenpflegegenossenschaft durchgeführt. Diese Klauenschnittbefunde werden in einer Datenbank in Lohmen dokumentiert. Für die Jahre 2004 und 2005 wurden die Daten für diese vier Betriebe über Projektmittel beschafft. Eine Übersicht über den Datenumfang in den vier Betrieben gibt die Tabelle 20. Insgesamt zeigt sich, dass in den vier Betrieben 40 bis 60 % aller Tiere eine Diagnose aufwiesen.

Tabelle 20: Übersicht zum Datenumfang der Klauenerkrankungen ab 2004

Betrieb	Erkrankungen gesamt	Anzahl erkrank- ter Tiere	Anzahl Tiere ge- samt	Anteil der Tiere, die erkrankt sind (%)
3	2.151	740	1.368	54,1
4	3.099	396	965	41,0
6	991	179	365	49,0
11	1.193	244	393	62,1
gesamt	7.434	1.559	3.091	50,4

Die Abkürzungen der Erkrankungen sind einheitlich über die Betriebe. Die Legende in Tabelle 21 erklärt die Abkürzungen und ordnet den entsprechenden Stufenbielschlüssel zu.

Tabelle 21: Legende und Schlüsselzuweisung für die Daten der Lohmener Klauenpfleger

	Abkürzung	Erkrankung	Staufenbielschlüssel
1.1	RE	Klauenrehe	1.10.06.09.
- 1.1.1	WLD	Weiß-Linie-Defekt	1.10.06.04.
- 1.1.2	WL	Wandläsion (Sohlenwandgeschwüre)	1.10.07.06.
- 1.1.3	DS	Doppelte Sohle	1.10.06.07.
1.2	BF	Ballenhornfäule	1.10.07.09.
1.3	DID	Klauenfäule (D. interdigitalis)	1.10.07.11.
1.4	DD	Mortellaro (D. digitalis)	1.10.07.10.
1.5	PH	Phlegmone	1.10.07.08.
- 1.5.1	ZP	Zwischenzehenphlegmone (Panaritium)	1.10.07.08.03.
- 1.5.2	SK	Schwellung des Kronsaums	1.10.07.08.01.
1.6	SG	Sohlengeschwür	1.10.07.03.
- 1.6.1	STG	Steingalle (Druckstelle)	1.10.06.08.
- 1.6.2	RSG	Rusterholz'sches Sohlengeschwür	1.10.07.05.
- 1.6.3	SSG	Sohlenspitzen­geschwür	1.10.07.04.
- 1.6.4	KSG	Klauensohlengeschwür in untypischer Lokalisation	1.10.07.03.
1.7	LI	Limax (Tylom)	1.10.06.10.
1.8	HS	Hornspalt	1.10.06.02.
1.9	B/S	Besonderheiten/ Sonstiges	1.10.99.

Eine Übersichtsstatistik zu den Klauenbefunden ist in Tabelle 20 und Tabelle 22 dargestellt. Auffällig ist die dominierende Erkrankungsrate bei den Hinterklauen. In der Arbeit von SWALVE & KÖNIG (2004) wurden aus diesem Grund nur die Erkrankungen der Hintergliedmaßen, ohne Beachtung ob linke oder rechte Hintergliedmaße, ausgewertet.

Tabelle 22: Verteilung der Erkrankungen nach Betrieb und Klaue

Betrieb	hl	hr	vl	Vr
3	887	1.106	96	62
4	1.261	1.432	222	184
6	436	414	53	90
11	523	573	39	58
Summe	3.107	3.525	410	394
Anteile in %	41,8%	47,4%	5,5%	5,3%
	89,2%		10,8%	

hl = hinten links, hr = hinten rechts, vl = vorn links, vr = vorn rechts

Tabelle 23 zeigt eine Übersicht zum Auftreten von Klauenerkrankungen. Die Diagnose Wandläsion (WL) wurde dabei am Häufigsten gestellt, gefolgt von Sohlengeschwür (SG) und Mortellaro (DD).

Tabelle 23: Auftreten der Erkrankungen nach Betrieben und Diagnose

Erkrankung	Betrieb 3	Betrieb 4	Betrieb 6	Betrieb 11	Summe
B/S	7	35	17	28	87
BF	2	11	5	5	23
DD	540	232	104	116	992
DID	2	0	4	71	77
DS	154	1	1	0	156
HS	1	64	33	0	98
KSG	1	0	0	0	1
LI	65	71	29	6	171
PH	0	0	1	0	1
RE	201	136	5	1	343
RSG	404	303	139	83	929
SG	18	649	153	362	1.182
SK	0	10	13	60	83
SSG	36	1	99	34	170
STG	39	354	10	1	404
WL	536	783	367	338	2.024
WLD	2	63	1	0	66
ZP	96	385	12	88	581

In Tabelle 24 sind alle Diagnosen getrennt nach Position dargestellt. Steingalle (STG) tritt mit 33% am Häufigsten an der Vorderklaue auf. Ballenfäule und Schwellung des Kronsaums folgen mit 26% bzw. 20%, wobei bei den letzten beiden Erkrankungen ein geringer Datenbestand steht.

Tabelle 24: Positionen der Erkrankungen

Erkrankung	hl	hr	vl	vr	Diagnose ist hinten
B/S	35	36	10	6	81,6%
BF	11	6	6	0	73,9%
DD	425	512	35	20	94,5%
DID	41	29	4	3	90,9%
DS	64	79	10	3	91,7%
HS	43	55	0	0	100,0%
KSG	0	1	0	0	100,0%
LI	78	89	4	0	97,7%
PH	0	0	0	1	0,0%
RE	167	144	18	14	90,7%
RSG	354	401	95	79	81,3%
SG	451	517	112	102	81,9%
SK	31	35	6	11	79,5%
SSG	67	80	8	15	86,5%
STG	117	153	65	69	66,8%
WL	897	1045	18	64	95,9%
WLD	43	18	3	2	92,4%
ZP	265	302	10	4	97,6%

Vergleich Klauenpflegerdaten zu HERDE-Daten

In Tabelle 25 sind prinzipielle Gemeinsamkeiten und Unterschiede zwischen Informationen der Klauenpflegergenossenschaft im Vergleich zu den HERDE-Daten dargestellt. Der größte Unterschied liegt sicher in der regelmäßigen bzw. nur auf Erkrankung bezogenen Diagnose, wobei auch bei den Klauenpflegerdaten keine NULL-Diagnosen enthalten sind. Insgesamt ist zu erwarten, dass bei den Klauenpflegerdaten auch geringere Diagnosen eingehen, welche noch zu keiner Beeinträchtigung der Kuh und somit auch zu keiner tierärztlichen Behandlung führen würde.

Tabelle 25: Gemeinsamkeiten und Unterschiede zwischen Informationen der Klauenpflegergenossenschaft im Vergleich zu den HERDE-Daten

	Klauenpflegergenossenschaft Lohmen	Tierarzt
Wer?	Klauenpfleger/ Klauenschneider	Tierarzt
Wann?	Regelmäßiger Klauenschnitt	Bei Beschwerden/ Lahmheit
Wo?	Betriebe, welche bei der Klauenpflegergenossenschaft sind	Alle Betrieb
Welche?	Routineschnitte und durch Klauenpfleger behandelbare Erkrankungen	Behandlungen mit Medikamentengabe
Dokumentation in HERDE?	Bis jetzt keine oder schlechte Erfassung in HERDE Eventuell Verbesserung eines Palm	Gute Erfassung in HERDE, da zum Teil auch Medikamentengabe damit verbunden ist

In der Tabelle 26 sind die Übereinstimmungen der Informationen aus dem HERDE-Programm mit jenen der Klauenpfleger dargestellt. Es zeigt sich, dass besonders ein Betrieb die Daten sehr gezielt in die HERDE-Managementsoftware überträgt.

Tabelle 26: Übereinstimmende Informationen aus den Klauenpflegerdaten und den HERDE-Daten geordnet nach Betrieb und Erfassungsjahr

Betrieb	Erfassungsjahr	Anzahl DS
A	2004	18
B	2005	409
C	2005	1.270
D	2004	79
E	2005	127

Berechnete Erkrankungstage

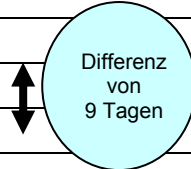
Weil die Anzahl der Behandlungen pro Erkrankung in den Betrieben unterschiedlich erfasst wird und das Tier nicht wieder als „Gesund“ gemeldet wird, werden für die weiteren Auswertungen aus den erfassten tierärztlichen Erkrankungsdiagnosen fiktive Erkrankungstage ermittelt. Dabei wird in Abstimmung mit Fachtierärzten der Sächsischen Tierseuchenkasse und praktischen Tierärzten von folgenden Erkrankungszeiträumen bei Vorliegen einer Diagnose ausgegangen:

Klauen- und Gliedmaßenenerkrankungen (KL/ GL):	28 Tage
Eutererkrankungen (EU):	14 Tage
Stoffwechselstörungen (SW):	21 Tage
Fruchtbarkeits- und Geburtsstörungen (FR):	21 Tage (= 1 Zykluslänge)
Sonstige Erkrankungen (SO):	14 Tage

In diesen Zeiträumen werden alle Behandlungen mit der gleichen Diagnose als Nachbehandlung betrachtet und somit zu einer Erkrankung zusammengefasst. Wurde das Tier nach der Hälfte dieses Zeitraumes wiederholt mit der gleichen Diagnose erfasst, so verlängerte sich die Erkrankungsdauer nochmals um die Hälfte. Wurde die Erkrankung nach Ablauf der genannten Fristen erneut diagnostiziert, so zählt dies als neue Erkrankung.

Tabelle 27: Berechnung des Erkrankungszeitraumes (= berechnete Erkrankungstage) bei Klinischer Mastitis (= EU) während der ersten Laktation am Tier X

Diagnose	Erkrankungs-datum	Laktations-tag	Berechnete Erkrankungstage	Summe berechnete Erkrankungstage
Mastitis klin.	15.01.2002	8	+ 14	14
Mastitis klin.	14.02.2002	38	+ 14	28
Mastitis klin.	15.02.2002	39		28
Mastitis klin.	23.02.2002	47	+ 7	35
Mastitis klin.	25.02.2005	49		35
Mastitis klin.	04.07.2005	178	+ 14	49



Die Tabelle 27 stellt das Tier X während der ersten Laktation dar. An dem jeweiligen Datum wurde das Tier gegen klinische Mastitis behandelt. Insgesamt war das Tier X 49 Tage an klinischer Mastitis erkrankt.

4 Ergebnisse und Diskussion

Die Ergebnisse aus der Schätzung genetischer Parameter (Abschnitten 0 und 0) stellen abgeschlossene Auswertungen dar, die zum jeweiligen Zeitpunkt der Datenaufbereitung durchgeführt wurden. Demzufolge sind die einzelnen Datenumfänge und Statistiken nicht direkt miteinander vergleichbar.

Schätzung genetischer Parameter für das Auftreten Klinischer Mastitis (CM)

Milchkühe, die an Mastitis erkranken, verursachen Kosten bei der Milchproduktion durch Reduzierung der Milchmenge, Einschränkung der technologischen Eignung der Milch, tierärztliche Behandlung, erhöhten Arbeitsaufwand und vorzeitigen Abgang.

Die Mastitisresistenz kann durch direkte Selektion mit Hilfe der Erfassung von Mastitis bzw. durch indirekte Selektion mit Hilfe eines genetisch korrelierten Merkmals zu klinischer Mastitis (CM) verbessert werden (ØDEGÅRD ET AL., 2003). In der Norwegischen Rinderzucht fließt seit 1978 das Auftreten von CM im Zeitraum von 15 Tagen vor der Abkalbung bis 120 Tagen nach der Abkalbung während der ersten Laktation als binäres Merkmal direkt in die Zucht ein (HERINGSTAD ET AL., 2003). Dagegen wird in Deutschland nur das Hilfsmerkmal SCS (Linear Somatic Cell Score) genutzt, weil die Erkrankungsdiagnosen in den Betrieben nicht durchgängig dokumentiert werden. Eine systematische und qualitativ hochwertige Merkmalerfassung wäre für eine Nutzung des Merkmals CM eine zwingende Voraussetzung (SIMIANER UND KÖNIG, 2002).

Das Ziel dieses Kapitels ist es, verschiedene Formen der Definition des Merkmals klinische Mastitis mit Hilfe von quantitativen genetischen Analysen zu untersuchen. Der Schwerpunkt wurde auf den Vergleich der Merkmalsdefinition als kontinuierliches und als binäres Merkmal gelegt. In der Litera-

tur werden zunehmend Krankheitsmerkmale aufgrund ihrer kategorischen Eigenschaft als binäres Merkmal (ABDEL-AZIM UND BERGER, 1999) mit dem Schwellenwertmodell geschätzt, wobei im Vergleich zu kontinuierlichen Merkmalen teilweise höhere h^2 -Werte ermittelt werden. Dabei werden in Anbetracht eines häufig beschriebenen besseren Konvergenzverhaltens überwiegend Vatermodelle genutzt (HERINGSTAD, 1999; LUND ET AL., 1999). Zusätzlich wurde versucht, Aussagen zu genetischen Korrelationen zu den Merkmalen SCS und Milchleistung zu treffen.

Material und Methoden

Eine Zuordnung der Stufenbielschlüssel zu diesem Merkmal ist in Tabelle 28 enthalten. Weiterhin sind auch die bisher genutzten Schlüssel und deren Häufigkeit mit dargestellt. Es zeigt sich, dass in den Testherden nur drei der möglichen Diagnosen auch umgesetzt sind. Die Anzahl der Diagnosen stimmt nicht mit der für die Parameterschätzung überein, weil letztere einen bereits abgeschlossenen Komplex darstellt. Sie gibt jedoch einen Überblick über die Relevanz der Diagnosen.

Tabelle 28: Zuordnung der potenziellen Stufenbiel-Codes zu den ausgewählten Erkrankungen sowie deren tatsächliche Nutzung im Material

Zuchtzielmerkmal	Stufenbiel-Cod.	Beschreibung	Anzahl
kl. Mastitis	1.13.01.	Mastitis – deskriptiv	19.847
	1.13.01.01.	Eutersekretionsstörung	
	1.13.01.02.	Akute Mastitis mit Flockenbeimengungen	61.009
	1.13.01.03.	Chronische Mastitis mit Flocken	2.246
	1.13.01.04.	Mastitis mit Blutbeimengungen	
	1.13.01.05.	Mastitis mit faulenden Gewebe	
	1.13.01.06.	Mastitis mit Eiterbeimengungen	
	1.13.01.07.	Mastitis mit einer nichteitrigen Sekretveränderung	
	1.13.01.08.	Mastitis mit Knotenbildung	
	1.13.01.09.	Mastitis phlegmonosa	

Für die Auswertung der Erkrankungsdiagnosen der Klinischen Mastitis stand ein Datenmaterial von 6.851 Tieren (bei 305 Laktationstagen) der ersten Laktation mit einem Abkalbetermin zwischen 01/2000 und 04/2005 zur Verfügung. Das Leistungsniveau dieser 13 Testherden (ca. 8.400 aktive Herdbuchtiere) liegt zwischen 8.000 und mehr als 10.000 kg Milch je Kuh und Jahr. Das Pedigree enthält 24.304 Tiere mit 163 Vatertieren mit mindestens 5 bis 408 Nachkommen (\bar{X} 16,7 NK) und 6.041 Muttertieren mit 1 bis 4 Nachkommen (\bar{X} 1,1 NK). Es wurden nur Tiere mit einer Laktationslänge von mindestens 120 bzw. 305 Tagen und einem Erstkalbealter (EKA) von 20 bis 40 Monaten einbezogen. Milchleistungen unter 2,0 und über 99,0 kg sowie abgegangene Tiere bzw. Tiere mit unvollständigen Laktationen bis Ende 04/2005 wurden ausgeschlossen. In den Betrieben wurden alle tierärztlichen Diagnosen zur CM mit Tiernummer und Datum der Diagnose erfasst. Tabelle 29 gibt eine Übersicht zum Datenmaterial für die Parameterschätzung.

Tabelle 29: Übersichtsstatistik zum Datenmaterial

Kalbe- jahr	120d n Tie- re	305d n Tie- re	Mkg ¹⁾	Zellzahl ²⁾	SCS ³⁾	CM ⁴⁾ 120d	CM ⁴⁾ 305d	bMT ⁵⁾ 305d
2000	1.573	1.405	28,2 ± 4,4	179 ± 270	4,4 ± 1,71	5,8 %	10,9 %	2,2 ± 6,9
2001	1.709	1.549	28,2 ± 4,3	169 ± 236	4,4 ± 1,73	12,0 %	19,6 %	4,2 ± 9,7
2002	1.908	1.754	28,9 ± 4,3	165 ± 253	4,3 ± 1,78	17,2 %	25,1 %	5,4 ± 10,7
2003	1.335	1.282	29,0 ± 4,7	159 ± 254	3,9 ± 1,75	19,8 %	26,2 %	5,3 ± 9,8
2004	1.228	861	28,5 ± 5,0	174 ± 281	4,0 ± 1,73	15,9 %	23,5 %	4,4 ± 8,7
2005	262	--	--	--	--	12,6 %	--	--
Ge- samt	8.015	6.851	28,6 ± 4,8	169 ± 256	4,2 ± 1,76	13,8 %	20,9 %	4,3 ± 9,4

¹⁾ Mittleres MLP-Probegemelk (305 Laktationstage)

²⁾ Mittlerer Zellzahlgehalt der MLP (*1.000) (305 Laktationstage)

³⁾ Mittlerer Somatic Cell Score der MLP (305 Laktationstage)

⁴⁾ Anteil Kühe mit mind. einer Mastitisdiagnose in den ersten 120 bzw. 305 Laktationstagen

⁵⁾ mittlere berechnete Mastitiserkrankungstage in den ersten 305 Laktationstagen (siehe Text)

Die Berechnung des Merkmals „berechnete Mastitiserkrankungstage“ (**bMT-305**) wurde im Kapitel 0 beschrieben. Bei der statistischen Auswertung dieses Merkmals ergibt sich im Durchschnitt der Population (gesunde und kranke Tiere), dass jedes Tier 4,3 Tage bei einer Standardabweichung von 9,4 Tagen an CM erkrankte. Der Maximalwert betrug 112 Tage, dass heißt, ein Tier war während der ersten Laktation insgesamt 112 Tage an CM erkrankt. Für CM als binäres Merkmal erfolgte die Definition mit „0“ für gesund bzw. „1“ bei mindestens einer CM-Diagnose in den Zeiträumen 1. bis 120. (**MB-120**), 1. bis 305. Laktationstag (**MB-305**) und für 6 Laktationsabschnitte zu jeweils 50 Tagen (**MB-6**). Die Somatische Zellzahl wurde durch eine logarithmische Transformation zum SCS (Linear Somatic Cell Score) umgewandelt. Für 120 bzw. 305 Laktationstage sowie die 50 Tage Abschnitte wurde jeweils der mittlere SCS und das mittlere MLP-Probegemelk (Mkg) genutzt. Einbezogene fixe Effekte sind der Herde-Jahr-Saison-Effekt (HYS) unterteilt in 12 * 6 * 4 Klassen sowie das EKA mit 6 Klassen zu je 100 Tagen. In Tabelle 30 sind die Modellvarianten dargestellt.

Tabelle 30: Modellvarianten für die Schätzung der Heritabilitäten¹⁾

Nr.	Modelle	Merkmal	HYS (F)	EKA (F)	Tier- bzw. Vater (A)	pue (R)	e (R)
I	EMM	kontinuierlich	x	X	x	--	x
II	EMM	binär	x	X	x	--	x
III	WHM	binär	x	X	x	x	x
IV	MMM	kontinuierlich	x	X	x	--	x

1) EMM = Einmerkmalsmodell; WHM = Wiederholbarkeitsmodell; MMM = Mehrmerkmalsmodell; e = Resteffekt; R = zufälliger Effekt; F = fixer Effekt; A = additiv genetischer Effekt mit Verwandtschaft; pue = permanenter Umwelteffekt

Für die Untersuchungen kam das Programmpaket ASReml (GILMOUR ET AL., 2002) zur Anwendung. Für das binomial verteilte Merkmal diente die Logit-Funktion als Link-Funktion.

Ergebnisse und Diskussion

In Tabelle 31 sind die Parameterschätzergebnisse aus den Einmerkmalsmodellen für die Merkmale des Komplexes CM dargestellt. Die Heritabilitäten fallen insgesamt sehr niedrig aus. Die Einbeziehung der Laktationszeiträume von 120 bzw. 305 Tagen zeigen keinen großen Unterschied. Die h^2 -Werte für das Merkmal MB-6 liegen bei einem hohen Umwelteffekt sehr niedrig. Die Heritabilitäten der Merkmalsdefinitionen binär und Summentage liegen bei 0,05, geringer fallen die Schätzwerte bei kontinuierlicher Betrachtung des binär codierten Merkmals aus. Bei dem Vergleich von Tier- und Vatermodell fällt auf, dass die Heritabilitäten sowie der Standardfehler beim Vatermodell generell höher liegen als beim Tiermodell. Eine Ursache kann neben der ungenaueren Schätzung auch in der Vervierfachung der additiv-genetischen Vatervarianz zur Errechnung der Heritabilitäten liegen. Der enorme Sprung des Tiermodells bei Merkmal MB-6 zum Vatermodell bedarf weiterer Untersuchung.

Tabelle 31: Heritabilitäten und Standardfehler für die verschiedenen Einmerkmalsmodelle

Merkmal	Modell	Tiermodell		Vatermodell	
		$h^2 (\pm SE_{h^2})$	pue	$h^2 (\pm SE_{h^2})$	pue
MB-120	I	0,012 ($\pm 0,011$)	--	0,024 ($\pm 0,016$)	--
MB-305	I	0,023 ($\pm 0,015$)	--	0,059 ($\pm 0,025$)	--
MB-120	II	0,044 ($\pm 0,026$)	--	0,051 ($\pm 0,038$)	--
MB-305	II	0,049 ($\pm 0,023$)	--	0,091 ($\pm 0,042$)	--
MB-6	III	0,005 ($\pm 0,012$)	0,19 ($\pm 0,018$)	0,053 ($\pm 0,024$)	0,18 ($\pm 0,015$)
bMT-305	I	0,050 ($\pm 0,021$)	--	0,064 ($\pm 0,026$)	--

Die beiden folgenden Tabelle 32 und Tabelle 33 zeigen die Ergebnisse der Schätzung mit dem Zweimerkmalsmodell für das Merkmal bMT-305 und SCS bzw. Mkg.

Tabelle 32: Heritabilitäten (Diagonale), SE_{h^2} und genetische Korrelationen für bMT-305 und SCS

Merkmal	Modell	Tiermodell		Vatermodell	
		bMT-305	SCS	bMT-305	SCS
bMT-305	IV	0,034 ($\pm 0,017$)	0,973 ($\pm 0,155$)	0,049 ($\pm 0,001$)	0,990 ($\pm 0,000$)
SCS	IV		0,049 ($\pm 0,019$)		0,036 ($\pm 0,001$)

Tabelle 33: Heritabilitäten (Diagonale), SE_{h^2} und die genetische Korrelation für bMT-305 und Mkg

Merkmal	Modell	Tiermodell		Vatermodell	
		bMT-305	Mkg	bMT-305	Mkg
bMT-305	IV	0,044 ($\pm 0,019$)	0,517 ($\pm 0,190$)	0,043 ($\pm 0,022$)	0,432 ($\pm 0,215$)
Mkg	IV		0,192 ($\pm 0,033$)		0,181 ($\pm 0,040$)

Die h^2 -Werte für das Merkmal bMT-305 und SCS sind im Vergleich zum Einmerkmalsmodell nahezu identisch. Die Ergebnisse für Mkg waren im Einmerkmalsmodell höher (um 0,3). Die Heritabilitäten für SCS liegen deutlich niedriger (um 0,05) als in der Literatur angegeben wird ($h^2 = 0,1$ bis $0,2$). Ebenfalls im unteren Bereich der Erwartungswerte liegen die Schätzwerte für Mkg ($0,2$). Die genetische Korrelation der Merkmale bMT-305 zu SCS ist nahe 1, d.h., die beiden Merkmale beschreiben den gleichen genetischen Hintergrund. Dieser Wert erscheint extrem hoch und muss in weiteren Analysen überprüft werden. In der Literatur zeigen sich für diese Parameter sehr unterschiedliche Ergebnisse ($r_G = 0,37/0,84$). Die genetische Korrelation zwischen bMT-305 und Mkg liegt im mittleren positiven Bereich.

Schlussfolgerung

Ein binäres Merkmal für CM als kontinuierliches Merkmal auszuwerten, erbringt keine interpretierbaren Ergebnisse. Hingegen erscheint das Merkmal „berechnete Erkrankungstage“ als kontinuierliches Merkmal zur Erfassung der Klinischen Mastitis geeignet. Es werden vergleichbare Schätzwerte wie bei einem binären Merkmal unter Nutzung eines Schwellenwertmodells ermittelt. Weitere Vorteile dieses Merkmals sind zum einen, dass keine anderen Lösungsstrategien notwendig sind und zum anderen ein höherer Informationsgehalt aufgrund einer quantitativen Komponente in die Schätzung mit einfließt.

4.2 Schätzung genetischer Parameter für weitere Gesundheitsmerkmale

Material und Methode

Für die Schätzung des Erblichkeitsgrades (Heritabilität = h^2) wurde das Merkmal „berechnete Erkrankungstage“ (Kapitel 0) genutzt. Gesunde Tiere gehen mit 0 Erkrankungstagen ein. Untersucht wurden Gliedmaßenphlegmone, Sohlengeschwür, Mortellaro (= Digitale dermatitis) und Panaritium. Bei den Fruchtbarkeitsstörungen wurden genetische Parameter für Zyklusstörungen (Azyklie, Anöstrie, Periodizitätsstörungen und Ovulationsanomalien), Endometritis (E. catarrhalis, E. mukopurulenta, E. muco-purulenta sive purulenta und Pyometra) und Ovarzysten (Follikel-Theka-Zysten, Follikel-Lutein-Zysten und Kleinzystische Degeneration) geschätzt.

Eine Zuordnung des entsprechenden Stufenziel-Codes zu den Erkrankungen und deren aktuellen Besetzungszahlen findet sich in Tabelle 34, wobei auch hier die unterschiedliche Anzahl zum Material für die Parameterschätzung zu erwähnen ist.

Tabelle 34: Zuordnung der potenziellen Stufenziel-Codes zu den ausgewählten Erkrankungen sowie deren tatsächliche Nutzung im Material

Zuchtzielmerkmal	Stufenziel-Cod.	Beschreibung	Anzahl
Zyklusst.	2.05.02.	Ovarien	72
	2.05.02.01.	Zyklusstörungen	1.058
	2.05.02.01.01.	Brunstlosigkeit auf Gr. inakt. Eierst.	9.514
	2.05.02.01.02.	Brunstlosigkeit aktiv	8.353
	2.05.02.01.03.	Periodizitätsstörungen des Zyklus	
	2.05.02.01.03.01.	Verkürzte Brunstintervalle	
	2.05.02.01.03.02.	Verlängerte Brunstintervalle	
	2.05.02.01.03.03.	Unregelmäßige Brunstintervalle	52
	2.01.09.	Aufhängung der Eierstöcke	
	2.01.09.01.	Entzündung der Eierstocksabhängung	4
	2.01.10.	Eierstöcke	1
	2.05.02.01.05.	Andere Zyklusstörungen	282
	2.05.02.02.	Dauerbrünstigkeit	
	2.05.02.03.	Vermännlichung	
	2.05.	Sterilität	
	2.05.02.06.	Eierstocksrückbildung	
	2.05.02.07.	Eierstocksentartung	50
	2.05.03.	Sterilitätsuntersuchung	
	2.05.04.	Sterilitätsbehandlung	
Endometr.	2.05.01.	Uterus / Gebärmutter	3
	2.05.01.01.	Gebärmutter Schleimhautentzündung	9.616
	2.05.01.01.01.	E1 Endometritis catarrhalis	990
	2.05.01.01.02.	E2 Endometritis mukopurulenta	3.574
	2.05.01.01.03.	E3 Endometritis purulenta	4.525
	2.05.01.01.04.	E4 Pyometra	1.643
	2.01.07.	Gebärmutterhals	41
	2.01.07.01.	Entzündung des Gebärmutterhals	5

Zuchtzielmerkmal	Staufenbiel-Cod.	Beschreibung	Anzahl
Zysten	2.01.08.	Uterus / Gebärmutter	55
	2.05.02.04.	Blasige Eierstocksentartung	4.080
	2.05.02.04.01.	Follikel-Theka-Zysten	2.242
	2.05.02.04.02.	Follikel-Lutein-Zysten	79
	2.05.02.04.03.	Kleinzystische Degeneration	49
	2.05.02.01.04.	Ovulationsanomalien	
	2.05.02.01.04.01.	Verzögerte Ovulation	1.641
Mortellaro	2.05.02.01.04.02.	Anovulatorische Brunst	
	1.10.07.10.	Mortellaro, "Erdbeerkrankheit"	6.188
Panaritium	1.10.07.07.	Zwischenklauennekrose	
	1.10.07.08.	Bindegewebsentzündung im Bereich...	12.059
	1.10.07.08.01.	Kronensaumpanaritium	2
	1.10.07.08.02.	Ballenpanaritium	
Sohlengeschw.	1.10.07.08.03.	Zwischenklauenpanaritium	6
	1.10.07.01.	Umschriebene eitrige Klauenlederhaut	1.849
	1.10.07.02.	Ausgebreitete eitrige Klauenlederhaut	
	1.10.07.03.	Sohlengeschwür	171
	1.10.07.04.	Sohlenspitzenengeschwür	60
	1.10.07.05.	Rusterholz'sches Sohlengeschwür	14.956
	1.10.06.08.	Steingalle	2.057

Ziel dieser ersten Analyse war es, eine Begrenzung der Erfassungsdauer sowie den Einfluss unterschiedlicher Covariablen zu prüfen. Dazu wurde das Datenmaterial auf den Zeitraum von 01/2000 bis 12/2004 begrenzt. Untersucht wurden Tiere der ersten Laktation:

Anzahl Tiere: 17.083
 Anzahl Väter: 1.191 (Ø 14,3 bei 1 – 153 Nachkommen)
 Anzahl Mütter: 13.325 (Ø 1,3 bei 1 – 4 Nachkommen)

In Tabelle 35 sind die berechneten durchschnittlichen Erkrankungstage je Kuh und Zeitraum in der ersten Laktation dargestellt. Im Durchschnitt war jedes Tier während einer Laktationslänge von 305 Tagen 2,8 Tage an Sohlengeschwüren erkrankt. Die Erkrankungstage lagen zwischen 0 und maximal 225 Tagen, das heißt, ein Tier war bis zu 225 Tagen an Sohlengeschwüren erkrankt. Ähnlich hoch sehen die durchschnittlichen Erkrankungstage bei den Zyklusstörungen und der Endometritis aus. Die Berechnung der berechneten Erkrankungstage erfolgte nach der Beschreibung in Kapitel „Berechnete Erkrankungstage“ (Kapitel 0).

Tabelle 35: Übersichtsstatistik zur durchschnittlichen Erkrankungsdauer (berechnete Erkrankungstage) bei 100 und 305 Tagen

Merkmal	100 Tage MW ± s (min – max) in Tagen	305 Tage MW ± s (min – max) in Tagen
Klaufen- und Gliedmaßen:		
Phlegmone	0,15 ± 1,25 (0 – 30)	0,78 ± 4,81 (0 – 120)
Sohlungeschwür	0,13 ± 0,89 (0 – 30)	2,84 ± 11,72 (0 – 225)
Mortellaro	0,11 ± 0,56 (0 – 30)	0,70 ± 4,60 (0 – 90)
Panaritium	0,26 ± 2,21 (0 – 30)	1,98 ± 8,59 (0 – 135)
Fruchtbarkeitsstörungen:		
Zyklusstörungen	0,21 ± 1,56 (0 – 32)	2,87 ± 10,89 (0 – 200)
Endometritis	0,24 ± 1,75 (0 – 32)	3,63 ± 10,63 (0 – 158)
Ovarzysten	--	0,98 ± 5,19 (0 – 116)

MW = Mittelwert; s = Standardabweichung; min = Minimum; max = Maximum

Die Schätzung der Heritabilitäten erfolgte mittels REML-Methode mit dem Programmpaket VCE 5.1 (KOVAC UND GROENEVELD, 2003). Für die Analyse wurden die folgenden Effekte in unterschiedlicher Formulierung einbezogen:

- Herde * Jahr * Saisoneneffekt (fix)
- Erstkalbealter (als Covariable oder Gruppiert (6 Gruppen))
- die bereits absolvierte Laktationslänge
- additiv genetischer Effekt des Tieres

Der Herde-Jahr-Saison-Effekt geht als fixer Effekt ein und unterteilt sich in 13 x 5 x 4 Klassen, das sind 13 Betriebe, 5 Jahre (2000 bis 2004) und 4 Saisonabschnitte (1: Dezember bis Februar, 2: März bis Mai, 3: Juni bis August, 4: September bis November). Der Effekt der Laktationslänge (maximal 100 bzw. 305 Tage) wurde als Kovariable behandelt.

Ergebnisse und Diskussion

Die Ergebnisse der Parameterschätzung des Modells mit zwei Covariablen (EKA und Laktationslänge) sind in Tabelle 36 aufgeführt.

Tabelle 36: Heritabilitäten für das Merkmal „berechnete Erkrankungstage“

Merkmal	100 Tage $h^2 \pm s$	305 Tage $h^2 \pm s$
Klaue- und Gliedmaßen:		
Phlegmone	0,000 \pm 0,003	0,046 \pm 0,009
Sohlengeschwür	0,000 \pm 0,000	0,066 \pm 0,010
Mortellaro	0,009 \pm 0,003	0,003 \pm 0,003
Panaritium	0,008 \pm 0,004	0,030 \pm 0,007
Fruchtbarkeitsstörungen:		
Zyklusstörungen	0,020 \pm 0,008	0,022 \pm 0,007
Endometritis	0,000 \pm 0,000	0,022 \pm 0,007
Ovarzysten	--	0,013 \pm 0,006

H^2 = Heritabilität; s = Standardfehler

Insgesamt sind die Ergebnisse aus allen Modellvarianten sehr ähnlich. Die Heritabilitäten liegen bei einer Laktationslänge von 100 Tagen größtenteils niedriger als bei 305 Tagen. Bei einer Laktationslänge von 305 Tagen sind die Heritabilitäten von Klauen- und Gliedmaßenerkrankungen in einem Bereich von 0,003 bei Mortellaro und 0,066 bei Sohlengeschwür angesiedelt. In der Literatur werden höhere h^2 -Werte von 0,04 bis 0,09 für Mortellaro (über alle Laktationen) und Sohlengeschwür angegeben. Der Vergleich ist schwierig, da einige der in der Literatur aufgeführten Untersuchungen auf der direkten Beurteilung der Klaue bei krankhaften Veränderungen beruhen und andere ausschließlich auf der Diagnose durch Tierärzte und Landwirte basieren.

Die Heritabilitäten für Fruchtbarkeitsstörungen liegen bei dieser Auswertung zwischen 0,013 und 0,022 bei 305 Laktationstagen. Für das Merkmal Ovarzysten konnten für die ersten 100 Laktationstage keine Erkrankungsfälle dokumentiert werden, da das Auftreten dieser Erkrankung erst nach 100 Tagen untersucht wird.

Die Formulierung des Erstkalbealters als Covariable (lineare Regression) oder als fixer Effekt in Gruppen erbrachte keine Unterschiede in den Parameterschätzern und sollte in Anbetracht einer möglicherweise besseren Anpassung an die wahren Gegebenheiten (keine Sprünge zwischen benachbarten Klassen) als Covariable genutzt werden. Eine Einbeziehung der Laktationslänge erbrachte ebenfalls keine Unterschiede in den Schätzern. Eine Analyse der Höhe dieser Regression auf die Zielvariable ergaben in allen Fällen nur extrem niedrige Regressoren, wobei hier auch negative Werte vorkamen, was bedeuten würde, dass mit steigenden Laktationstagen die Anzahl erkrankter Tage abnimmt, was eher schwierig zu interpretieren ist. Insgesamt erscheint diese Information als Effekt also vernachlässigbar. Dieses Verhalten liegt wahrscheinlich auch an der wesentlich größeren Anzahl bereits abgeschlossener Laktationen, so dass bei gleichmäßiger Verteilung nicht abgeschlossener Laktationen über die Väter es hier auch zu keinen bedeutenden Verschie-

bungen in der Zuchtwertschätzung kommen dürfte. Dieser Effekt soll für die Zuchtwertschätzung daher zunächst nicht berücksichtigt werden, eine weitere Analyse steht aber noch aus.

4.3 Vergleichende Parameterschätzungen zwischen Daten der Klauenpflegergenossenschaft und HERDE Daten

Grundlage für diese Untersuchung bilden die Daten der Lohmener Klauenpflegergenossenschaft wie sie im Abschnitt 0 dargestellt sind. Es wurden die Merkmale ausgesucht, welche auch in den Krankheitsbefunden in den Testbetrieben dokumentiert sind und für eine Zuchtwertschätzung genutzt werden. Das sind die Merkmale:

- Mortellaro
- Panaritium und
- Sohlengeschwür.

Zum Vergleich der Informationsmengen und Aussagefähigkeit der Daten für eine Parameter- und Zuchtwertschätzung wurden diese wie folgt unterteilt:

- wie für Zuchtwertschätzung
- Beschränkt auf die Betriebe mit Daten der Klauenpfleger
- nur Klauenpflegerdaten

Dabei ist der direkte Vergleich der Nutzung von HERDE-Daten zu Klauenpflegerdaten bei den letzten beiden Gruppen möglich, weil es sich um dieselben Tiere handelt. Hier werden ähnliche Ergebnisse erwartet, da einige Betriebe die Informationen der Klauenpfleger in Ihre Managementprogramme einpflegen.

Die Beschreibung für die einzelnen Datensätze ist in den Tabelle 37 bis Tabelle 40 aufgeführt. Dabei gehen in die Zuchtwertschätzung 36.061 Datensätze ein, beschränkt auf die Betriebe der Klauenpflegergenossenschaft verbleiben noch 9.338 Datensätze.

Tabelle 37: Datenmaterial wie für die Zuchtwertschätzung (HERDE). Mittelwerte, Spannweiten, Anzahl Datensätze und Tiere für die ausgewählten Merkmale (Datensätze gesamt: 36.061)

Merkmal	MW (s)	Spannweite	Datensätze	Tiere
Mortellaro	1,6 (7,5)	0 – 112	2775	2224
Panaritium	2,1 (8,0)	0 – 126	2978	2610
Sohlengeschwür	3,2 (12,4)	0 – 238	6421	4493

Tabelle 38: Datenmaterial nur der Betriebe für welche auch Klauenpflegerdaten vorliegen (HERDE). Mittelwerte, Spannweiten, Anzahl Datensätze und Tiere für die ausgewählten Merkmale (Datensätze gesamt: 9.338)

Merkmal	MW (s)	Spannweite	Datensätze	Tiere
Mortellaro	1,1 (6,0)	0 – 112	286	266
Panaritium	2,2 (8,3)	0 – 126	616	547
Sohlengeschwür	4,0 (15,3)	0 – 238	791	638

Tabelle 39: Datenmaterial der Klauenpflegergenossenschaft. Mittelwerte, Spannweiten, Anzahl Datensätze und Tiere für die ausgewählten Merkmale

Merkmal	MW (s)	Spannweite	Datensätze	Tiere
Mortellaro	2,3 (9,4)	0 – 126	596	529
Panaritium	1,1 (6,5)	0 – 126	274	264
Sohlengeschwür	3,9 (14,9)	0 – 252	802	704

Tabelle 40: Ergebnisse der Parameterschätzung für alle drei Teildatensätze

	Mortellaro	Panaritium	Sohlengeschwür
h^2	0,0418	0,0254	0,0434
	0,0047	0,0048	0,0054
p^2	0,0889	0,0633	0,0656
	0,0057	0,0061	0,0060

	Mortellaro	Panaritium	Sohlengeschwür
h^2	0,0499	0,0200	0,0528
	0,0061	0,0085	0,0108
p^2	0,0075	0,0936	0,0584
	0,0022	0,0118	0,0125

	Mortellaro	Panaritium	Sohlengeschwür
h^2	0,0469	0,0109	0,0329
	0,0095	0,0060	0,0083
p^2	0,0646	0,0621	0,0550
	0,0118	0,0106	0,0107

Die Parameterschätzer zeigen bei diesem insgesamt geringen Niveau kaum Unterschiede bei der Nutzung verschiedener Informationen. Das gilt sowohl für den direkten Vergleich zwischen Klauenpflegerdaten und HERDE-Daten als auch bei Verwendung nur eines Teildatensatzes.

Es werden keine höheren Heritabilitäten bei der Verwendung von Klauenpflegerdaten im Vergleich zu Managementdaten ermittelt. Was eine absolute Notwendigkeit der Verwendung von Klauenpflegerinformationen nicht ersehen lässt. Trotzdem erscheint eine Kombination beider Informationsquellen bzw. ein konsequentes Einpflegen der Daten in die Managementprogramme angeraten.

4.4 Schätzung genetischer Parameter für die Zuchtwertschätzung

Aufgrund dieser Voruntersuchungen (Kapitel 4.1 bis 4.3) wurde dann für ausgewählte Merkmale eine Parameterschätzung durchgeführt, die Grundlage der Entscheidung auf Aufnahme in eine routinemäßige Zuchtwertschätzung in der AG Rind war. Die Merkmalsauswahl erfolgte nach Erfassbarkeit, Besetzungszahlen im Material sowie ökonomischer Relevanz. Der Materialumfang für diese Untersuchung ist wiederum größer, was auch an der Einbeziehung der höheren Laktationen liegt. Das Material lässt sich wie folgt beschreiben:

- Daten seit 2000
- 13 Betriebe (Testherden)
- 22.125 Datensätze in 12 Laktationen
- 10.174 Tiere mit Leistungen
- 1.283 Väter (1 – 1.012 Datensätze; Clown; 1 – 391 Tiere)
- 8.755 Mütter (1 – 10 Datensätze; 1 - 6 Tiere)
- 30.210 Tiere im Pedigree

In der Tabelle 41 sind einige statistische Maßzahlen für das Material enthalten.

Tabelle 41: Statistische Maßzahlen für das Material der Parameterschätzung

	Avg (s)	Spannweite	Datensätze	Tiere	Frequenz
Mastitis	4,3 (9,7)	0 – 126	12330	9315	0,56
Gebärparese	0,9 (4,5)	0 – 94,5	2079	1727	0,09
Mortellaro	1,3 (6,7)	0 – 120	1197	979	0,05
Panaritium	2,6 (10,1)	0 – 180	2891	2572	0,13
Sohlengeschwür	3,2 (12,3)	0 – 225	5516	4017	0,25
Endometritis	4,0 (11,7)	0 – 178,5	6596	5847	0,30
Geburtsstörung	0,4 (4,7)	0 – 220,5	519	497	0,02
Puerperalstörung	0,3 (2,2)	0 – 52,5	612	574	0,03
Zyklusstörung	4,4 (13,2)	0 – 210	5055	4589	0,23
Ovariazysten	1,6 (6,8)	0 – 105	2208	2090	0,10

Die 15 häufigsten Väter im Material der Testherden sind in Tabelle 42 dargestellt.

Tabelle 42: Die am häufigsten genutzten Bullen in den derzeitigen Testherden

Name	Nummer	Anzahl DS	Anzahl Tiere
CLOWN	830122	1012	391
PRETIN	830156	755	331
LEW	830096	462	188
DOWIN	830236	380	208
ILIUS	830183	353	150
GANWIND	830195	331	135
PRESTO	830139	309	124
JAZZMAN	504489	298	95
NOAH	501428	290	107
MANAT	830287	281	169
LELY	501405	260	81
SLOGAN	501579	257	117
TONI	830158	235	99
LUNAX	830265	235	143
BIPS ET	392006	228	77

Das zugrunde liegende Modell entspricht dem der Zuchtwertschätzung:

$$y = Xb + Za + Zp + e$$

- y - Vektor der Beobachtungswerte
- X - Designmatrix zur Verknüpfung der Beobachtungswerte mit den fixen Effekten
- b - Vektor der fixen Effekte und Covariablen, in diesem Falle zusammengesetzt aus
Herde * Jahr * Saison, Laktationsnummer sowie der Covariablen Erstkalbealter
bzw. Zwischenkalbezeit getestet innerhalb der ersten bzw. folgenden Laktationen
als lineare Regression
- Z - Designmatrix zur Verknüpfung der Beobachtungswerte mit den zufälligen Effekten
- a - Vektor der zufälligen Effekte, in diesem Falle der additiv genetischen Effekte der
Tiere
- p - Vektor der zufälligen Effekte, in diesem Falle eines permanenten Umwelteffektes
für die Leistungswiederholungen
- e - Vektor der zufälligen Resteffekte

Die ermittelten Parameter befinden sich in der Tabelle 43.

Tabelle 43: Ermittelte Parameter (Heritabilität h^2 und permanenter Umwelteffekt p^2) für die ausgewählten Merkmale (Standardfehler der Schätzer unter diesen)

	Mastitis	Gebärparese	Mortellaro	Panaritium	Sohlengesch.
h^2	0,0432	0,0116	0,0459	0,0490	0,0432
	0,0074	0,0035	0,0064	0,0074	0,0083
p^2	0,0641	0,0476	0,0880	0,0447	0,0641
	0,0083	0,0053	0,0076	0,0081	0,0074
	Endometritis	Geburtsst.	Puerperalst	Zyklusst	Zysten
h^2	0,0166	0,0085	0,0592	0,0316	0,0100
	0,0038	0,0062	0,0059	0,0057	0,0047
p^2	0,0314	0,0240	0,0000	0,0350	0,0481
	0,0080	0,0105	0,0000	0,0086	0,0082

Die Erblichkeitsgrade liegen im erwarteten niedrigen Bereich zwischen 1 und 6 %. Die Schätzer für den permanenten Umwelteffekt der Wiederholungen im Zielmerkmal liegen meist in einer ähnlichen Größenordnung.

In der Literatur angegebenen Heritabilitäten liegen bei Gesundheitsmerkmalen zwischen 0 und 10 Prozent. Die Milchleistungsmerkmale liegen im Gegensatz dazu bei 20 bis 60 Prozent. In die Zuchtwertschätzung gehen seit Jahren Fruchtbarkeitsmerkmale (Kalbeverlauf, Non-Return-Rate) mit niedrigem Erblichkeitsgrad von ca. 5 Prozent ein. In den meisten skandinavischen Ländern werden trotz der geringen Heritabilitäten durch eine relativ große Anzahl von Nachkommen brauchbare Zuchtwerte für Gesundheitsmerkmale ermittelt (PHILIPSSON, 1995). In Schweden werden daher 130 bis 150 Nachkommen pro Testbulle geprüft. Eine weitere Voraussetzung für eine Zucht auf Gesundheitsmerkmale ist eine systematische und qualitativ hochwertige Merkmalerfassung (SIMIANER UND KÖNIG, 2002).

Für die weitere genetische Analyse der sächsischen Milchrindpopulation in Bezug auf die Gesundheitsmerkmale müssen die Datenqualität und die Modelle für die Parameterschätzung weiter optimiert werden. Durch weitere Plausibilitätskriterien müssen unwahrscheinliche Daten von der Auswertung ausgeschlossen werden. Andere Ursachen für geringe Heritabilitäten können der tatsächlich geringe genetische Anteil oder eine ungenaue Merkmalsdefinition und eine daraus resultierende unterschiedliche Merkmalerfassung sein. Dieses Problem wird nur bei eindeutig zu diagnostizierenden Erkrankungen minimiert.

4.5 Routinemäßige Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale

Eine routinemäßige Zuchtwertschätzung soll dreimal jährlich zu den Terminen der offiziellen Zuchtwertschätzung des VIT durchgeführt werden. Als Merkmal dienen die berechneten Erkrankungstage aus den dokumentierten tierärztlichen Erkrankungsdiagnosen (wie im Abschnitt 0 beschrieben). Aufgrund der Besetzungszahlen, den Problemen in der eindeutigen Erfassung des Merkmals zwischen den Betrieben und der ermittelten Erblichkeitsgrade werden nach Abstimmung in der AG Rind für die routinemäßige Zuchtwertschätzung die folgenden Merkmale genutzt:

- Klinische Mastitis
- Mortellaro
- Panaritium
- Sohlengeschwür
- Endometritis
- Zyklusstörungen und
- Zysten

Die Veröffentlichungsgrenze liegt bei mindestens 30 Nachkommen in den Testherden.

Für die Zuchtwertschätzung wurde das folgende Modell genutzt:

$$y = Xb + Za + Zp + e$$

y	- Vektor der Beobachtungswerte
X	- Designmatrix zur Verknüpfung der Beobachtungswerte mit den fixen Effekten
b	- Vektor der fixen Effekte und Covariablen, in diesem Falle zusammengesetzt aus Herde * Jahr * Saison, Laktationsnummer sowie der Covariablen Erstkalbealter bzw. Zwischenkalbezeit getestet innerhalb der ersten bzw. folgenden Laktationen als lineare Regression
Z	- Designmatrix zur Verknüpfung der Beobachtungswerte mit den zufälligen Effekten
a	- Vektor der zufälligen Effekte, in diesem Falle der additiv genetischen Effekte der Tiere
p	- Vektor der zufälligen Effekte, in diesem Falle eines permanenten Umwelteffektes für die Leistungswiederholungen
e	- Vektor der zufälligen Resteffekte

Die unterstellten genetischen Parameter, welche ebenfalls mit dem dargestellten Modell ermittelt wurden, befinden sich in Tabelle 44.

Tabelle 44: Für die Zuchtwertschätzung genutzte genetische Parameter

Varianz-komponenten	Mastitis	Mortellaro	Panaritium	Sohlen-geschwür	Endo-metritis	Zyklus-störungen	Zysten
Add. Genet.	6,585	1,799	4,448	5,309	1,821	4,644	0,434
Perm. Umwelt	5,007	3,449	4,061	7,879	3,447	5,133	2,091
Rest	87,26	33,97	82,34	109,7	104,7	136,0	40,95

Die Zuchtwerte werden für die Komplexe Euter, Klauen, Fruchtbarkeit sowie zu einem Gesamt-zuchtwert zusammengefasst. Die Wichtung ist in Tabelle 45 dargestellt.

Tabelle 45: Wichtung der Einzelmerkmale zu Komplexen

Merkmale	Mastitis	Mortellaro	Panaritium	Sohlen-geschwür	Endo-metritis	Zyklus-störungen	Zysten
Euter	1						
Klauen		1	1	1			
Fruchtbarkeit					2	1	1
Gesamt	1	1	1	1	2	1	1

Die Darstellung erfolgt mit einem Mittelwert von 100 für alle Bullen mit Nachkommen und einer genetischen Standardabweichung von 12 Punkten. Werte über 100 sind in züchterischer Hinsicht als positiv zu bewerten, also als geringere Prädisposition für die entsprechende Krankheit.

5 Zusammenfassung und Schlussfolgerungen

Neben der etablierten, erfolgreichen züchterischen Bearbeitung des Leistungsniveaus bei den Milchkühen, rückt aufgrund des ständig zunehmenden Preisdruckes auf die Milcherzeuger die züchterische Verbesserung funktionaler Merkmale, insbesondere der Gesundheitsmerkmale, immer mehr in den Vordergrund.

Anliegen dieses Projektes war es, ausgewählte Gesundheitsmerkmale durch Schätzung genetischer Parameter und der Entwicklung eines Zuchtwertschätzverfahrens für die Prädisposition bestimmter Krankheiten zu untersuchen. In vorherigen Projekten wurden die Voraussetzungen für die Erfassung von Gesundheitsdaten geschaffen. Grundlage der Untersuchungen bildeten 13 Testbetriebe mit mehr als 8.000 Herdbuchkühen und einem durchschnittlichen Leistungsniveau von 8.000 bis mehr als 10.000 kg Milch. Der Auswertungszeitraum für die Voruntersuchungen ging von 2000 bis 2005.

Für die Definition des Zuchtwertschätzmodells wurden in ersten Untersuchungen genetische Parameter mit verschiedenen Merkmalsdefinitionen, Laktationszeiträumen und Covariablen für Erkan-

kungen aus den Komplexen Klauen, Euter, Fruchtbarkeit und Stoffwechsel geschätzt. Als geeignetes Merkmal stellten sich die „berechneten Erkrankungstage“ als kontinuierliches Merkmal bei einer Laktationslänge von 305 Tagen heraus. Gesunde Tiere gehen mit Null Erkrankungstagen in die Berechnung ein.

Darauf aufbauend wurden für das Datenmaterial (ab 2000) von 22.125 Datensätzen (max. 12 Laktationen) genetische Parameter hinsichtlich des Auftretens von Klinischer Mastitis (KM), Gebärfare (GP), Mortellaro (ML), Panaritium (PN), Sohlengeschwür (SG), Endometritis (EM), Geburtsstörungen (GS), Puerperalstörungen (PS), Zyklusstörungen (ZS) und Zysten (Z) geschätzt. Die durchschnittlichen Erkrankungstage je Tier und Laktation lagen zwischen 0,3 (bei PS) und 4,4 (bei ZS) Tagen, die Erkrankungsfrequenz zwischen 2% (bei GS) und 56% (bei KM) und die Heritabilitäten (h^2) zwischen 0,01 (bei GS, Z, GP) und 0,06 (bei PS). Bei KM, ML, PN und SG lagen die Heritabilitäten (h^2) im erwarteten niedrigen Bereich von 0,04 bis 0,05.

Aufgrund der Erfassbarkeit, der Besetzungszahlen im Material und der ermittelten Erblichkeitsgrade wurden folgende Erkrankungen in eine routinemäßige Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale integriert:

- Klinische Mastitis,
- Mortellaro,
- Panaritium,
- Sohlengeschwür,
- Endometritis
- Zyklusstörungen und Zysten.

6 Literaturverzeichnis

- ABDEL-AZIM, G.A.; BERGER, P.J. (1999): Properties of threshold model predictions. J. Anim. Sci. 77:582-590.
- BALLHEIMER, A.E. (2004): Was macht die Klauen wirklich krank?, top agrar 7/ 2004, R20-R24
- FIEDLER, K., KLUNKER, M., FISCHER, R., MÜLLER, U. (2004): Entwicklung und Erprobung eines Prüfungssystems für funktionale Merkmale für die Milchrindzucht im Freistaat Sachsen, Abschlussbericht
- GILMOUR, A.R., B.R. CULLIS, S.J. WELHAM AND R. THOMPSON. (2000). ASREML Reference Manual. NSW Agriculture, Orange Agric. Inst. Orange, Australia.
- HARDER, B.; BENNEWITZ, J.; HINRICHS, D.; KALM, E. (2005): Does persistency of lactation influence the disease liability in German Holstein dairy cattle?, 56th EAAP meeting, session CG2.9
- HERINGSTAD, B.; KLEMETSDAL, G.; RUANE, J. (1999): Clinical mastitis in Norwegian cattle: frequency, variance components and genetic correlation with protein yield. J. Dairy Sci. 82: 1325-1330.
- HERINGSTAD, B.; REKAYA, R.; GIANOLA, D.; KLEMETSDAL, G.; WEIGEL, K. A. (2003): Genetic change for clinical mastitis in norwegian cattle: a threshold model analysis. J. Dairy Sci. 86: 369-375.

- HERINGSTAD, B.; CHANG, Y.M.; GIANOLA, D.; KLEMETSDAL, G. (2005) Genetic Analysis of Clinical Mastitis, Milk Fever, Ketosis, and Retained Placenta in Three Lactations of Norwegian Red Cows, *J. Dairy Sci.* 88:3273-3281
- KOIVULA, M.; MÄNTYSAARI, E.A.; NEGUSSIE, E.; SERENIUS, T. (2005): Genetic and Phenotypic Relationships Among Milk Yield and Somatic Cell Count Before and After Clinical Mastitis; *J. Dairy Sci.* 88:827-833
- KÖNIG, S.; SHARIFI, A.R.; WENTROT, H.; LANDMANN, D.; EISE, M.; SIMIANER, H. (2005): Genetic Parameters of Claw and Foot Disorders Estimated with Logistic Models, *J. Dairy Sci.* 88:3316-3325
- KOVAC, M.; GROENEVELD, E. (2003): VCE-5 User's Guide and Reference Manual, Version 5.1
- LUND, M.; JENSEN, J.; PETERSEN, P. (1999): Estimation of genetic and phenotypic parameters for clinical mastitis, somatic cell score, production deviance and protein yield in dairy cattle using Gibbs sampling. *J. Dairy Sci.* 82: 1045-1100.
- MARK, T.; JAKOBSEN, J.H.; JOIJANI, H.; FIKSE, W.F.; PHILPSSON, J. (2005): International Trends in Recording and Genetic Evaluation of Functional Traits in Dairy Cattle, 56th EAAP meeting, 2005 Uppsala, Schweden, Session CG 2.1
- MIJIC, P.; KNEZEVIC, I.; DOMACINOVIC, M. (2004): Connection of milk flow curve to the somatic cell count in bovine milk, *Arch. Tierz., Dummerstorf* 47 (2004) 6, 551-556
- NEGUSSIE, E.; STRANDÉN, I.; MÄNTYSARRI, E. (2005): Threshold and linear model estimates of genetic and residual correlations between CM, SCC and production traits, 56th EAAP meeting, session CG2.5
- ØDEGÅRD, J.; KLEMETSDAL, G.; HERINGSTAD, B. (2003): Genetic improvement of mastitis resistance: Validation of somatic cell score and clinical mastitis as selection criteria. *J. Dairy Sci.* 86: 4129-4136.
- PHILIPSSON, J. (1995): Züchtung auf Gesundheit am Beispiel Skandinavien – erfolgreiche Kooperation von Landwirt, Tierarzt, MLP und Zuchtorganisationen. *Züchtungskunde* 67, 454 – 460
- PHILIPSSON, J. (2000): Strategien zur Verminderung von Kälberverlusten (Totgeburten) *Züchtungskunde* 72 (2000), 440 – 449
- R DEVELOPMENT CORE TEAM (2005): R: A Language and Environment for Statistical Computing Vienna, Austria (ISBN 3-900051-07-0)
- SCHAFBERG, R.; ROSNER, F.; ANACKER, G.; SWALVE, H.H. (2005): Genetic analysis of cases of sub-clinical mastitis, 56th EAAP meeting, session CG2.6
- SIMIANER, H., KÖNIG, S. (2002): Ist Zucht auf Krankheitsresistenz erfolgreich ? Vortrag Jahrestagung DGFZ/GFT 17.09.02
- STAMER, E.; JUNGE, W.; BRADE, W.; KALM, E. (2005): Gestation length for genetic evaluation of calving traits in dairy cattle, 56th EAAP meeting, session CG2.21
- STEINBOCK, L.; JOHANSSON, K.; NÄSHOLM, A.; BERGLUND, B.; PHILIPSSON, J. (2005): Genetic Evaluation of Stillbirth and Calving Difficulty in Swedish Red and White Dairy Cattle, 56th EAAP meeting, session CG2.10

SWALVE, H. H.; KÖNIG, S. (2004): Klauenschnittbefunde für die Zucht nutzen?, Milchrind 3/ 2004, 42-45

ULLRICH, E. (2006): persönliche Mitteilung

WINCKLER, C. (2005): New behaviour based developments to collect health information in dairy cattle farming, 56th EAAP meeting, Session M 6.2

ZWALD, N.R.; WEIGEL, K.A.; CHANG, Y.M.; WELPER, R.D.; CLAY, J.S. (2004A): Genetic Selection for Health Traits Using Producer-Recorded Data. I. Incidence rates, heritability Estimates, and Sire Breeding Values, J. Dairy Sci. 87:4287-4294

ZWALD, N.R.; WEIGEL, K.A.; CHANG, Y.M.; WELPER, R.D.; CLAY, J.S. (2004B): Genetic Selection for Health Traits Using Producer-Recorded Data. II. IGenetic Correlations, Disease Probabilities, and Relationships with Existing Traits, J. Dairy Sci. 87:4295-4302

Internet: http://www.klauenpflege.ch/media/pdf/Bericht_Schweizer_Bauer_Herbst_2005.pdf

Anlage

Literaturstudie zu genetischen Einflussfaktoren auf Gesundheitsmerkmale beim Milchrind

Kati Fiedler, Carina Kehr, Dr. Ralf Fischer, , Dr. Michael Klunker, Dr. Uwe Bergfeld

Inhalt

- 1 Funktionale Merkmale generell
- 2 Klauen- und Gliedmaßenkrankungen
- 3 Eutergesundheit, somatischer Zellgehalt
- 4 Fruchtbarkeitsstörungen
- 5 Stoffwechselstörungen
- 6 Literaturverzeichnis

1 Funktionale Merkmale generell

Die Wirtschaftlichkeit der Milchproduktion wird bestimmt durch Produktionsmerkmale und funktionale Merkmale. Neben der deutlichen Milchleistungssteigerung in den letzten 10 Jahren ist ein negativer Trend bei den funktionalen Merkmalen zu beobachten. Das manifestiert sich in steigender Totgeburtenrate, hohen Aufzuchtverlusten, Fruchtbarkeitsproblemen und erhöhter Anfälligkeit der Tiere gegenüber Mastitis, Fundaments- und Stoffwechselerkrankungen (LKV SACHSEN, JAHRESBERICHT 2002).

Durch die derzeitige Milchkontingentierung und niedrige Preise für Milch und Schlachtvieh sinkt der Grenznutzen einer weiteren Milchleistungssteigerung (MACK, 1996), während funktionale Merkmale an Bedeutung gewinnen. Auch aus Tierschutz- (Tierschutz als Staatsziel im Grundgesetz) und Verbraucherschutzgründen (Produkthaftungsgesetz) erscheint eine stärkere Selektion auf Funktionalität sinnvoll (BANOS, 1999; DISTL, 2001).

Der Begriff „funktionale Merkmale“ umfasst nach SWALVE (2003) alle Merkmale, die zur Kostenminimierung auf der Input-Seite der Produktion beitragen oder die sich positiv auf die Vermarktungsmöglichkeiten tierischer Produkte auswirken. Nach GROEN (1997) zählen darunter die Zuchtleistung (Besamungserfolg, Kalbeverhalten, Kälberverluste), Merkmale der Gesundheit und Vitalität (insbesondere die Anfälligkeit gegenüber Mastitis, Stoffwechselstörungen und Fundamentsproblemen), die Melkbarkeit und die Nutzungsdauer.

Auch Erbfehler, Missbildungen und das Futteraufnahmevermögen werden den funktionalen Merkmalen zugeordnet. DISTL (2001) bringt mit der Zucht auf funktionale Merkmale eine verminderte Anfälligkeit gegenüber Krankheiten, die Verringerung von Produktionsverlusten, die Erhöhung der Leistungsstabilität der Tiere, Tierschutzaspekte und die Verbesserung der Qualität und Verbraucherakzeptanz tierischer Produkte in Verbindung. Eine Übersicht zu den Selektionsmerkmalen in der Milchrindzucht ist in Abbildung 12 abgebildet.

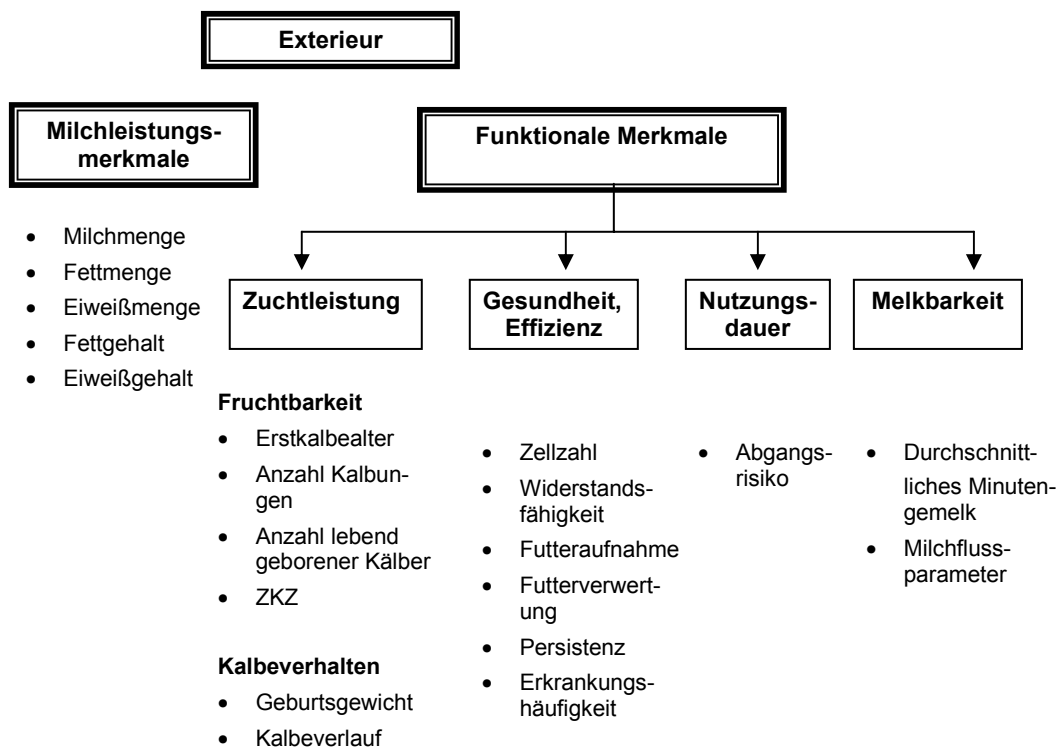


Abbildung 12: Selektionsmerkmale in der Milchviehzucht (verändert nach BERGFELD & KLUNKER, 2002)

Nach SWALVE (1999) wird die Selektionswürdigkeit eines Merkmals bestimmt durch:

- die ökonomische Bedeutung des Merkmals
- die Erfassbarkeit (gemessen am Erfassungsaufwand und der Messgenauigkeit bzw. Wiederholbarkeit)
- den Erblichkeitsgrad
- die genetische Variation in der Population und
- den bestehenden genetischen Korrelationen zu anderen Produktions- bzw. funktionalen Merkmalen oder zu leicht erfassbaren Hilfsmerkmalen.

Ökonomische Bedeutung

Grundsätzlich wirkt sich jede Krankheit negativ auf Milchleistung und Fruchtbarkeit aus. Tabelle 46 zeigt die Verluste in Litern pro Tag über die gesamte Laktation für ausgewählte Erkrankungen.

Tabelle 46: Einfluss ausgewählter Krankheiten auf die Milchleistung (FOURCHION et al. 1999, zitiert bei EVANS, 2003)

Krankheit	Verlust/ Tag [l]
Geburtsstörungen	0,5 – 2,3
Totgeburt	0,7 – 1,3
Nachgeburtsverhalten	0,5 – 2,3
Gebärmutterentzündung	0,5 – 2,3
Ketose	0,7 – 1,3
Labmagenverlagerung	0,8 – 2,5
Lahmheit	0,7 – 1,3

Die wirtschaftlichen Gewichte für Gesundheitsmerkmale sind aufgrund von zahlreichen Einflussfaktoren schwierig abzuleiten. Während KADARMIDEEN & SIMM (2002) die Kosten für einen Mastitisfall mit einem Gegenwert von 1.150 kg Milch bewerteten, quantifizierte NIELSON ET AL. (2002) die Kosten nur mit 40 kg Milch. REINSCH (1995) berechnete sowohl für die Leistungsmerkmale als auch für ausgewählte Gesundheitsmerkmale ökonomische Gewichte in Abhängigkeit vom Quotenpreis. Während die Eiweißleistung sechs- bis siebenmal wichtiger ist als die Fettleistung, erreichen einige Gesundheitsmerkmale einen ähnlichen Stellenwert wie die Fettleistung. Neben der ökonomischen Bedeutung der Krankheiten, sollten auch Tierschutz- und Verbraucherschutzaspekte bei der Bewertung Berücksichtigung finden (DISTL, 2001).

Erfassbarkeit

Während Leistungsmerkmale über die Milchleistungsprüfung fast flächendeckend erfasst werden, gibt es für die Erfassung funktionaler Merkmale nur wenige Ansätze in Deutschland (DISTL, 1991; SCHOMAKER, 2001; JUNGE & STAMER, 2003). Einzelmerkmale wie Abgangsursachen und der Geburtsverlauf werden mit unzureichender Genauigkeit erfasst. Tierärztliche Diagnosen und Behandlungen werden nur auf betrieblicher Ebene für den Arzneimittelnachweis dokumentiert und sind für züchterische Auswertungen bisher kaum nutzbar.

Aufgrund des hohen zeitlichen und finanziellen Erfassungsaufwandes für funktionale Merkmale ist auch zukünftig keine flächendeckende Leistungsprüfung realisierbar. Somit wird die Prüfung funktionaler Merkmale in Stationen (Bullenmutterprüfstationen, Eigenleistungsprüfstationen für Jungbullen) sowie in vertraglich gebundenen Praxisbetrieben (Testherden für Prüfbullentöchter) zunehmend an Bedeutung gewinnen (BERGFELD & KLUNKER, 2002).

Voraussetzung für eine effektive Erfassung funktionaler Merkmale sind nach SCHOMAKER (2001) möglichst große Herden, die Nutzung automatischer Milchmengenmessgeräte sowie die Arbeit mit einem Herdenmanagementprogramm (DISTL, 1991). Weiterhin sollten eine große Bereitschaft zur Zusammenarbeit und die weitreichende Überlassung von Produktionsdaten von Seiten der Betriebe

unter Berücksichtigung des Datenschutzes gewährleistet sein. Die züchterische Bearbeitung funktionaler Merkmale erfordert neben der kontinuierlichen Datenerfassung die genaue Definition bzw. Abgrenzung der Einzelmerkmale (DISTL, 1991; BANOS, 1999; KELTON ET AL., 1998). BANOS (1999) schlägt Definitionen für eine zentrale, einheitliche Erfassung funktionaler Merkmale vor. Auch zur Überwachung infektiöser Tierseuchen und zur Kontrolle des Einsatzes von Medikamenten ist der Aufbau einer zentral organisierten Krankheitserfassung wie in Skandinavien und Israel sinnvoll (DISTL, 2001).

Erblichkeit, genetische Variation

Die Heritabilitäten für Krankheitsanfälligkeit bzw. Krankheitsresistenz sind aufgrund des großen Einflusses von Haltung und Management sehr gering (SWALVE, 2003). Eine der Hauptursachen dafür ist nach SIMIANER & KÖNIG (2002) der permanente Selektionsdruck, der gegen die Krankheitsanfälligkeit wirkt. Hinzu kommt, dass verschiedene Umweltfaktoren, wie der Infektionsdruck bzw. die Haltung und Fütterung die Ausprägung verschiedener funktionaler Erkrankungen begünstigen. Der hohe Umwelteinfluss führt zu einer großen phänotypischen Variation in der Ausprägung funktionaler Erkrankungen in der Population.

Nach PHILIPPSON (2000) ist die züchterische Bearbeitung funktionaler Merkmale aufgrund der großen Variation in der Population trotz geringer Heritabilität erfolgreich. Allerdings sind aufgrund der geringen Erblichkeit höhere Nachkommenzahlen für eine hohe Sicherheit der Zuchtwerte erforderlich (PHILIPPSON, 1995). In Skandinavien werden deshalb 150 bis 200 Töchter pro Prüfbulle erzeugt und geprüft.

Genetische Beziehungen zu anderen Merkmalen

Zahlreiche wissenschaftliche Untersuchungen aus Skandinavien bestätigen ungünstige genetische Korrelationen zwischen den Produktionsmerkmalen und funktionalen Merkmalen (MÄNTHYSAARI & GRÖHN, 1991; URIBE ET AL., 1995, VAN DORP ET AL., 1998). SIMIANER ET AL. (1991) schätzten an norwegischen Daten mit mehr als 200.000 Beobachtungen eine genetische Korrelation von $r_g = 0,47$ zwischen der Milchmenge und der Anfälligkeit für klinische Mastitis. Die genetische Beziehung zwischen Milchmenge und der Ketoseanfälligkeit lag bei $r_g = 0,66$. Ursache für diese ungünstigen genetischen Beziehungen ist häufig die Konkurrenz zwischen „Leistung“ und „Fruchtbarkeit“ um limitierende Nahrungsenergie, Makro- oder Mikronährstoffe. PHILIPPSON (1995) berechnete an schwedischen Holstein Frisian eine Korrelation von $r_g = -0,37$ zwischen der Eiweißleistung und der weiblichen Fruchtbarkeit, die Korrelationen zwischen Milchleistung und Mastitis bzw. zu anderen Krankheiten lag bei $r_g = -0,21$ und $r_g = -0,32$. Aufgrund des bestehenden Merkmalsantagonismus zu den Leistungsmerkmalen zieht die alleinige Leistungsselektion einen stetigen Anstieg der Krankheitsanfälligkeit nach sich (REINSCH, 1995). Deshalb sollten Produktionsmerkmale und funktionale Merkmale im Zuchtwert kombiniert werden. Bei der Indexberechnung sind auch nicht-ökonomische Motive, wie z.B. Tierschutz, Verbraucherschutz und das Image der landwirtschaftlichen Produkte mit einzubeziehen (SIMIANER & KÖNIG, 2002).

Nutzung neuer Selektionsstrategien

Gesundheitsmerkmale bieten sich für eine markergestützte Selektion an. Die Gründe dafür liegen in:

- niedriger Heritabilität
- aufwändiger bzw. später Merkmalerfassung
- erschwerter bzw. unmöglicher züchterische Nutzung nach der ZWS (bei Krankheiten, Missbildungen)
- früher Selektionsmöglichkeit bei geschlechtsgebundenen Merkmalen.

Durch die intensive Forschung auf diesem Gebiet sowohl in der Humanmedizin als auch in der Veterinärmedizin konnten bereits für verschiedene Erbkrankheiten beim Rind, z.B. BLAD, DUMPS und CVM direkte und indirekte molekulargenetische Nachweismethoden entwickelt werden (HARLIZIUS, 1995). Auch die Erkennung heterozygoter Anlageträger wird dadurch ermöglicht. Im Bereich der Markergestützten Selektion konzentriert sich die Suche nach nutzbaren QTL bisher weitestgehend auf die Milchleistungsmerkmale, wobei bereits erste Markergenorte für Exterieurmerkmale, Abkalbeeigenschaften und für die Zellzahl gefunden wurden (GRUPE, 1996; THALLER ET AL., 2003; KÜHN ET AL., 2003).

2 Klauen- und Gliedmaßenkrankungen

Uneingeschränkte Bewegungsfähigkeit der Milchkühe ist die Voraussetzung für eine effiziente Milchproduktion unter den heutigen modernen Haltungsbedingungen.

Dennoch entstehen der deutschen Milchviehhaltung jährlich Millionenverluste durch Klauen- und Gliedmaßenkrankungen. Die Verluste setzen sich aus folgenden Einzelkomponenten zusammen: Tierarztkosten, Milchverlust durch Sperrzeiten, Milchverlust durch Abfall der Laktationsleistung, erhöhter Betreuungsaufwand, Abmagerung und erhöhte Remontierungskosten. Die hohe arbeitswirtschaftliche Belastung bei sinkendem AK-Besatz und zunehmenden Bestandsgrößen und die Kosten für Sekundärerkrankungen (Ketose, Fruchtbarkeitsstörungen usw.) sind kaum zu quantifizieren. Klauenerkrankungen stellen mit 15,1% neben Eutererkrankungen und Fruchtbarkeitsstörungen eine der drei Hauptabgangsursachen in Sachsen dar (LKV-BERICHT, 2002).

Zur Verbesserung der Klauengesundheit bieten sich mehrere Ansatzmöglichkeiten. Neben den Umwelt- und Haltungsbedingungen spielen das Betriebsmanagement und die Zucht eine wichtige Rolle. Züchter beobachten immer wieder gehäufte Klauenprobleme bei Nachzuchten einzelner Bullen bzw. Blutlinien. Rassen wie Brown Swiss und Jersey weisen im Vergleich zu Deutschen Holstein wesentlich weniger Klauenerkrankungen auf.

Zur Selektion auf bessere Klauengesundheit werden derzeit drei Ansätze verfolgt.

- Die erste Möglichkeit ist die direkte Erfassung von Klauenerkrankungen in den Produktionsbetrieben. Für tierzüchterische Auswertungen sind dabei jedoch kontinuierlich erhobene Klauenbefunde einer großen Tierzahl über einen möglichst langen Zeitraum erforderlich (BAUMGARTNER, 1988).
- Weiterhin ist es möglich durch die Nutzung von objektiv erfassbaren Klauenparametern (z.B. Dorsalwandlänge, Klauenhärte) mit enger Korrelation zu bestimmten Klauenerkrankungen das Merkmal Klauengesundheit nachhaltig in der Population zu verbessern (ANACKER & RIEHMER, 1996). Das Bestimmen der Klauenabmessungen ist mit hohem Aufwand verbunden und erfordert die Fixierung des Tieres. Unter Feldbedingungen ist dieses Verfahren kaum durchführbar. DISTL (1999) weist jedoch darauf hin, dass sich der Aufwand für die Merkmalerfassung um das 10- bis 15-fache verringert, wenn die Klauenmaße in der Eigenleistungsprüfung der Bullen ermittelt werden, wobei die Erfassung der Klauenmaße der Töchter entfällt. Aufgrund von hohen genetischen Korrelationen zwischen Vorder- und Hintergliedmaßen ist nach HAMANN & DISTL (2001) das Messen an einem Vorderbein ausreichend. Nach BLOWEY (1998) weisen viele Faktoren der Klauenform relativ hohe Heritabilitäten auf. Vor allem Tiere mit langen Klauen, flachen Trachten und geringem Dorsalwandwinkel sollten nicht zur Zucht verwendet werden.
- Bisher wird die Klauen- und Gliedmaßenqualität in der Zuchtwertschätzung nur über die linearen Exterieurmerkmale Trachtenhöhe, Hinterbeinwinkel, Hinterbeinstellung und Sprunggelenksqualität im Relativzuchtwert Exterieur (RZE) berücksichtigt.

Nach FATEHI ET AL. (2003) wird die Frequenz von Klauenerkrankungen primär durch die Haltungsbedingungen bestimmt. Die Bedeutung der einzelnen Umweltfaktoren auf die Inzidenzrate spezifischer Klauenerkrankungen ist jedoch in der Literatur umstritten.

- Art der Aufstallung: Neben der Bewegungsfläche spielt die Gestaltung der Bodenoberfläche eine wichtige Rolle (BAUMGARTNER, 1988). Hierbei sind vor allem die Trittsicherheit und das Verhältnis von Hornwachstum zu Hornabrieb von großer Bedeutung. Nach MC DANIEL ET AL. (1982) hat weniger die Aufstallungsform sondern vielmehr die Feuchtigkeit im Stall und damit verbunden der Infektionsdruck pathogener Keime großen Einfluss auf die Klauengesundheit.
- Gestaltung des Liegeplatzes, Dauer der Liegezeiten
- Herde/Gruppengrößen, Leistungsniveau (BAUMGARTNER, 1988)
- Fütterung: Die Fütterung wirkt in zweifacher Hinsicht auf die Klauengesundheit ein. Über- oder Unterversorgung mit bestimmten Futterinhaltsstoffen (Eiweiß, Energie, Rohfaser, Spurenelemente, Vitamine...) oder toxische Substanzen bewirken direkt Hornbildungsstörungen an der Klauenlederhaut. Außerdem können verschiedene Futterbestandteile z.B. freier Ammoniak aus Silagen von außen negativ auf das Klauenhorn einwirken (CASSELL, 1996; MC DANIEL ET AL., 1982).

- Klauenpflege: Regelmäßige funktionelle Klauenpflege (zwei- bis dreimal pro Jahr), prophylaktische Klauenbäder und frühe Behandlung von Erkrankungen reduziert das Auftreten von Klauenerkrankungen nachweislich (BOETTCHER ET AL., 1998, MANSKE ET AL., 2002).
- Jahreszeitliche und klimatische Einflüsse: Die Auswirkungen jahreszeitlicher Effekte sind sowohl von der Art der Stallbelüftung als auch von der Durchführung eines Weideaustriebs abhängig. Während im Winter die Zahl der Klauenerkrankungen ansteigt, wirkt sich der Weidegang positiv auf die Klauengesundheit aus (BAUMGARTNER, 1988).

Aber auch innerhalb einer Tiergruppe unter gleichen Haltungsbedingungen findet man eine erhebliche Variation in der Ausprägung der Klauen und dem Vorkommen von Klauenerkrankungen. Als tierindividuelle Einflussfaktoren gelten nach BAUMGARTNER (1988):

- Alter des Tieres (SMIT ET AL., 1986)
- Laktationsstadium
- Gewicht des Tieres
- Individuelle Beinstellung
- Bewegungsaktivität, Verhalten, Rang in der Herde
- Rasse (JAKOB, 1996)
- Abkalbezeitpunkt/ Abkalbemonat (DISTL, 1990).

Eine langfristige und nachhaltige Verbesserung der Fundamentsqualität in der Rinderpopulation ist nur dann erreichbar, wenn die Selektion zu einer geringeren Anfälligkeit gegenüber Klauen- und Gliedmaßenkrankungen, bei vertretbarem Aufwand für die Klauenpflege, zu einer hohen funktionellen Nutzungsdauer und hoher Lebensleistung führt.

Zahlreiche Autoren ermittelten eine positive Beziehung zwischen Fundamentsmerkmalen und der Nutzungsdauer (BAUMGARTNER ET AL., 1990; BROTHERSTONE & HILL, 1991; CHOI & MC DANIEL, 1993; VUKASINOVIC, 1995). Nachteilig wirken sich nach DISTL (1995) die geringe Wiederholbarkeit infolge des großen Beurteilereinflusses und die geringen Heritabilitäten für Klauenerkrankungen auf den Selektionserfolg aus.

Aus verschiedenen wissenschaftlichen Untersuchungen geht hervor, dass die Innenklaue der Vordergliedmaßen und die Außenklaue der Hintergliedmaßen die genetisch fixierten Klaueneigenschaften am deutlichsten widerspiegeln (BAUMGARTNER, 1988). Ergebnisse von RAVEN (1971) und die von anderen Autoren berechneten steigenden Heritabilitäten mit zunehmendem Alter der Tiere, steigende Asymmetrien zwischen den Klauen einer Gliedmaße erhärten diese Aussage (HAHN ET AL. 1984, MC DANIEL ET AL., 1982).

Tabelle 47 gibt die Heritabilitäten für verschiedene Klauenerkrankungen wider. Zwischen den Heritabilitätsschätzwerten sind teilweise große Unterschiede zu beobachten. Das ist damit zu begründen, dass in einigen Untersuchungen die Klauen direkt auf krankhafte Veränderungen untersucht

wurden, während andere sich ausschließlich auf die Dokumentation und Behandlung akuter Erkrankungensfälle von Tierärzten bzw. Landwirten berufen.

Tabelle 47: Material, Heritabilitäten (h^2), Standardfehler (SE_h^2), Schätzmethode, Modell und berücksichtigter additiv-genetischer Effekt für das Auftreten von verschiedenen Klauenerkrankungen

Literaturquelle		Tiermaterial				Me- thode	Modell- typ	h ²	SE _h ²	genet. Ef- fekt
Autoren	Jahr	Rasse	Lakt.	N						
Klauenerkrankungen allgemein										
Lyons et al.	1991	Holstein	alle	11.008	B	REML	linear	0,11	0,04	Vater
Pätsch	2002	HF, Sbt.	alle	581	T	REML	linear	0,05	0,03	-
Boettcher et al.	1998	American. HF	alle	1.624	B	REML	linear	0,10	0,04	Tier
							linear*	0,22	0,05	Tier
Klauenrehe										
Huang & Shanks	1995	Ayshire, BS, HF, Guernsey, Jersey	alle	3.821	B	REML	linear	0,14		Tier
							linear*	0,13		Vater
Pätsch	2002	HF, Sbt.	alle	581	T	REML	linear	0,01	0,02	-
Rusterholzsches Sohlengeschwür										
Huang & Shanks	1995	Ayshire, BS, HF, Guernsey, Jersey	alle	3.821	B	REML	linear	0,03	-	Tier
				655	B	REML	linear*	0,02	-	Vater
Pätsch	2002	HF, Sbt	alle	581	T	REML	linear	0,02	0,02	Vater
Dermatitis Digitalis										
Baumgartner	1988	Deut. Fleckvieh	alle	1.938	T	REML	linear	0,08	0,06	Vater
Pätsch	2002	HF, Sbt.	alle	581	T	REML	linear	0,04	0,02	-
Ballenfäule										
Huang & Shanks	1995	Ayshire, BS, HF, Guernsey, Jersey	alle	3.821	B	REML	linear	0,13		Vater
				655	B	REML	linear*	0,14	-	Vater
Pätsch	2002	HF, Sbt.	alle	581	T	REML	linear	0,02	0,02	-

* mit Schwellenwertmodell; B = Beobachtungen; T = Tiere

BOETTCHER ET AL. (1998) beurteilten im Rahmen der Nachzuchtbeurteilung den Lahmheitsgrad von 1.342 Kühen subjektiv anhand einer Scala von 0 (keine Probleme) bis 4 (Laufunfähigkeit). Die ermittelten Heritabilitäten für dieses Merkmal lagen bei $h^2 = 0.10$ bei einem linearen Modell und bei $h^2 = 0,22$ unter Nutzung eines Schwellenwertmodelles. Sie ermittelten negative Korrelationen zwischen dem Lahmheitsgrad und dem Hinterbeinwinkel bzw. der Hinterbeinstellung von -0,6 bis -0,7. Aber auch in dieser Untersuchung konnte ein hoher Einfluss der Klauenpflege auf den Lahmheitsgrad der Herde ermittelt werden.

HERNANDEZ ET AL. (2001) analysierten die Beziehung zwischen Klauenerkrankungen und Fruchtbarkeitsstörungen. Mehr als 30% der untersuchten Tiere litten an Klauenerkrankungen, wobei Klauenläsionen die höchste Bedeutung hatten. Im Vergleich zu gesunden Tieren nahmen klauenkranke Kühe im Mittel 40 Tage später auf und benötigten signifikant mehr Besamungen für eine erfolgreiche Trächtigkeit. Auch COLLICK ET AL. (1989) wiesen für lahme Tiere eine signifikant höhere Rastzeit von bis zu 8 Tagen im Vergleich zu gesunden Herdengefährtinnen nach. Die Zeit von der Kalbung bis zur Konzeption verlängerte sich um 14 Tage bei einem Erstbesamungserfolg von 46 % (gesunde Tiere: 56 %). Das Abgangsrisiko lag 11% höher als bei gesunden Tieren.

3 Eutergesundheit, Somatische Zellzahl

Eutererkrankungen verursachen neben Klauenerkrankungen mit die höchsten Kosten in der Milchviehhaltung und stellen die Hauptabgangsursache dar. Der durch Mastitiden verursachte Schaden wird von WOLTER ET AL. (2002) auf 150 – 200 €/ Kuh/ Jahr geschätzt. Jährlich entstehen dadurch den deutschen Milchbauern 1 Milliarde € Verlust allein durch den Krankheitskomplex Mastitis. Die Verluste beinhalten bei klinischen Eutererkrankungen die Ablieferungssperre für die Milch behandelte Tiere, Medikamenten- und Tierarztkosten, Kosten für erhöhten Arbeitsaufwand und fehlende Einnahmen aufgrund der dauerhaften Beeinträchtigung der Milchleistung. Kosten für die erhöhte Bestandsergänzung und die Verschlechterung der Verarbeitungsfähigkeit der Milch wurden dabei noch nicht berücksichtigt. SCHALLENBERGER (2003) bezifferte die Folgekosten von Mastitiserkrankungen mit 665 € und 1300 kg Milchverlust pro euterkrankem Tier. Nach WOLTER ET AL. (2002) sind die Schäden durch subklinische Mastitis noch weitaus größer, da diese Mastitisform 20 bis 50 mal häufiger auftritt als die klinische Form und meistens nicht erkannt und behandelt wird.

Die in zahlreichen Populationen ermittelten Merkmalsantagonismen zwischen Eutergesundheitsmerkmalen und Milchmengenmerkmalen lassen bei einer weiteren Milchleistungssteigerung in Zukunft eine Zunahme von Erkrankungen erwarten (STRANDBERG & SHOOK, 1989). Weil aber steigende Milchleistungen freie Selektionskapazitäten für sekundäre Merkmale ermöglichen, wird die Einbeziehung der Eutergesundheit in die Zuchtwertschätzung zukünftig an Bedeutung gewinnen.

Für die züchterische Bearbeitung der Eutergesundheit stehen sowohl direkte als auch indirekte Merkmale zur Verfügung. Direkt erfassbar sind der klinische und der bakteriologische Befund. Der klinische Befund ist direkt verfügbar während der bakteriologische Befund eine Milchuntersuchung erforderlich macht, welche erst im fortgeschrittenen Erkrankungsstadium ein Ergebnis liefert. Nach BERGMANN (1985) sind Heritabilitätsschätzungen für bakteriologische Untersuchungen problematisch, weil nur 30 % der klinischen Fälle bakteriologisch abgeklärt werden können.

Die indirekten Merkmale erfahren im Verlauf der Erkrankung eine Veränderung. Neben dem Zellgehalt werden auch die elektrische Leitfähigkeit und der Laktosegehalt der Milch beeinflusst (WOLTER ET AL., 2002). Im Gegensatz zu den direkten Merkmalen zeichnen sie sich durch eine kontinuierliche Variation mit höheren Heritabilitätskoeffizienten aus. Allerdings ist die Festlegung des

Schwellenwertes für diese Merkmale problematisch. Er ist nach WOLTER ET AL. (2002) abhängig von der genetischen Disposition des Tieres mit ihren systematischen Einflussfaktoren. Eine alleinige Selektion auf niedrigen Zellgehalt würde nach STRANDBERG & SHOOK (1989) nicht nur Genotypen mit einer geringen Erkrankungsrate bevorzugen, sondern auch Tiere mit niedriger zellulärer Abwehr gegenüber Infektionen. Nach Möglichkeit sollten indirekte und direkte Merkmale zur Einschätzung der genetischen Disposition kombiniert werden.

In Norwegen (SOLBU, 1984), Finnland (SYVJÄRVI, 1987), Schweden und Israel (BAR-ANAN, 1984) werden bereits klinische Mastitiserkrankungen im Selektionsindex für Bullen berücksichtigt. Dabei wird eine hochwertige Merkmalerfassung durch Tierärzte in einer zentralen Datenbank mit einer entsprechenden Gewichtung der Eutergesundheit im Zuchtziel kombiniert. Abbildung 13 zeigt die Gewichtung von Eiweißgehalt, Fettgehalt, Fruchtbarkeit, Eutergesundheit und Euterform im finnischen Selektionsindex.

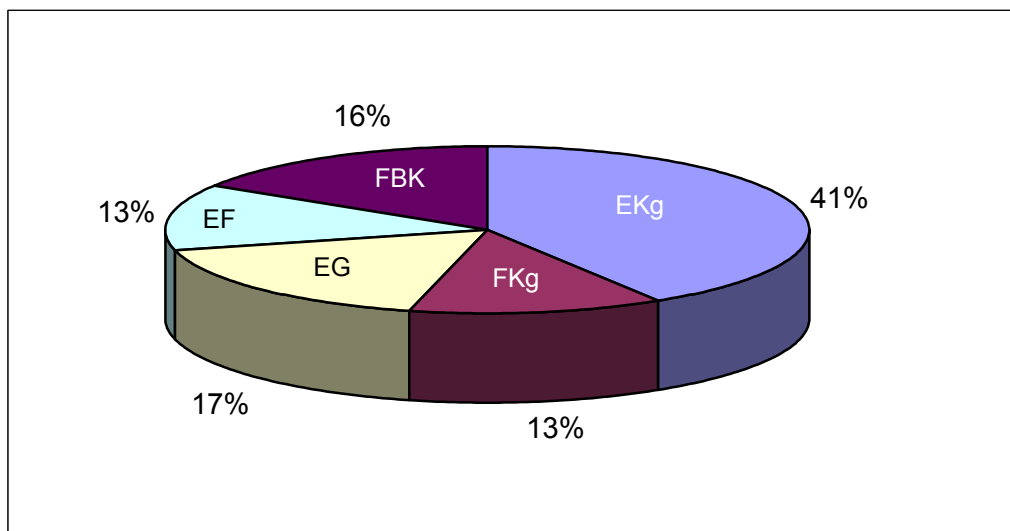


Abbildung 13: Gewichtung der Merkmale Eiweißgehalt (EKg), Fettgehalt (FKg), Fruchtbarkeit (FBK), Eutergesundheit (EG) und Euterform (EF) im finnischen Selektionsindex (SIMIANER & KÖNIG, 2002)

Die starke Gewichtung funktionaler Merkmale spiegelt sich in einem höheren Zuchtfortschritt in diesen Merkmalen wider. KÖNIG & SWALVE (2000) ermittelten das genetische Niveau im Merkmal somatischer Zellgehalt der Deutschen Holsteinpopulation im Vergleich zu Dänemark, Finnland und Schweden (Abbildung 14). Hierbei bedeuten positive Werte, dass das skandinavische Land für das Merkmal somatischer Zellgehalt ein höheres genetisches Niveau aufwies als Deutschland.

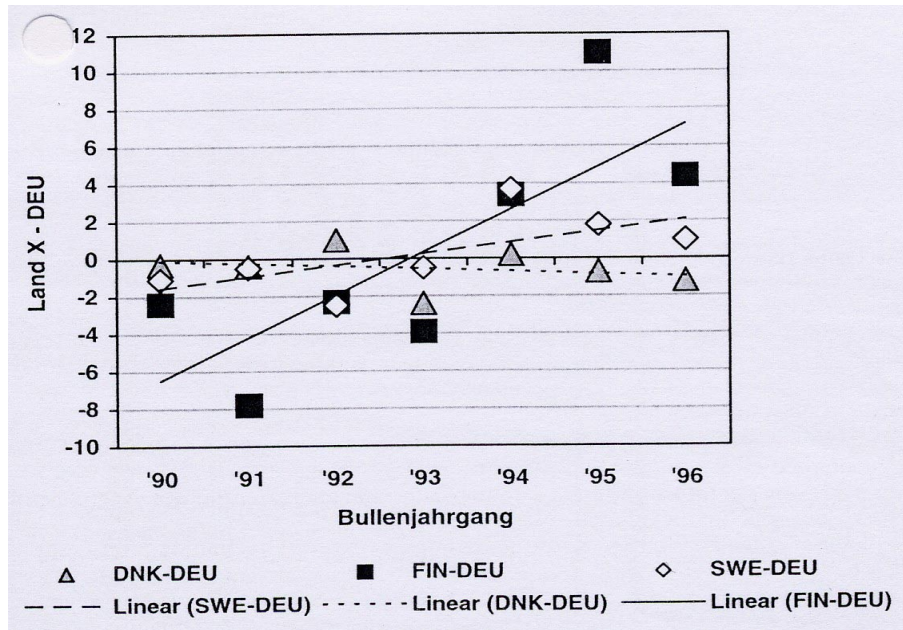


Abbildung 14: Differenz der Holsteinzuchtwerte für das Merkmal somatischer Zellgehalt zwischen Dänemark (DNK), Finnland (FIN) und Schweden (SWE) verglichen mit Deutschland (DEU) (SIMIANER & KÖNIG, 2002)

Nach NEERHOF ET AL. (2000) ist das Abgangsrisiko bei euterkranken Tieren um 1,69 Mal höher als bei gesunden Kühen.

Systematische Einflussfaktoren auf die Eutergesundheit und die Zellzahl sind:

- Herde (Fütterung, Vitaminversorgung (Vit. E, Selen), Haltungssystem, Melkverhalten, Melktechnik, Melkhygiene, Herdengröße, Selektionsintensität, Leistungsniveau der Herde, Weidegang, Kälber/ Jungviehaufzucht (Vertränken von Mastitismilch, gegenseitiges Besaugen...) (DISTL, 1990, 1992))
- Alter bzw. Laktationsnummer (Summierung von Melk- und Fütterungsfehlern, Fruchtbarkeitsstörungen, Erkrankungen in früheren Laktationen, Abnutzung des Schließmuskels, Infektionsstatus) (DISTL, 1992; GONYON ET AL., 1982; JAKOB, 1996, WELLER ET AL. 1992)
- Euterqualität (Bodenabstand, Euterhöhe, Strichstellung, Zitzenform)
- Jahreszeitliche Einflüsse (Witterung, Luftfeuchtigkeit, Futterwechsel) -> Kalbesaison bzw. Abkalbemonat: gehäuftes Auftreten von Mastitiden im Winter (BARNOUIN & CHASSAGNE, 1998; LESCOURRET ET AL., 1995)
- Erstkalbealter (EKA) (ROGERS ET AL., 1995)
- Herkunftsbetrieb (Zukaufstiere-Immunstatus) (FUNKE, 1991)
- Laktationstag/ Laktationsstadium (WELLER ET AL., 1992; ZHANG ET AL., 1994)
- Melkfrequenz
- Vater (ROGERS ET AL., 1995)
- Rasse (EMANUELSON ET AL. 1988)

Tabelle 48: Quelle, Tiermaterial und Heritabilitäten für Merkmale der Euterform

Quelle	Tierzahl	Merkmal	Heritabilität
SEYKORA & MC DANIEL, 1986	5.934 – 11.449	Vorderstrichlänge	0,63
		Vorderstrichdurchmesser	0,44
		Rear udder clearance	0,56
		For cleft depth	0,10

Nach POLITIEK (1981) ist die Eutergesundheit durch intensive Selektion auf Euterform und Zitzenplatzierung nachhaltig zu verbessern. In Tabelle 48 sind Heritabilitäten für Euterformmerkmale dargestellt.

Verschiedene Autoren weisen auf den genetischen Antagonismus zwischen der Milchleistung und Eutererkrankungen hin (SCHÖNMUTH ET AL. 1992).

Somatische Zellzahl

Als Milchzellen werden die körpereigenen (somatischen) Zellen in der Milch bezeichnet. Es handelt sich dabei um Gewebszellen (Epithelzellen) und Abwehrzellen (polymorphkernige neutrophile Granulozyten, Makrophagen, Lymphozyten, Leukozyten). Die Bedeutung der somatischen Zellen liegt in der Infektionsabwehr des Euters (Phagozytose). Bei Eutererkrankungen steigt der Milchzellgehalt an, wobei vor allem der Anteil an Abwehrzellen stark zunimmt. Als physiologischer Normalbereich für den Milchzellgehalt des Einzeltieres gelten nach derzeitigem Kenntnisstand bis zu 100.000 Zellen/ ml. Bei Überschreiten dieses Grenzwertes ändert sich bereits die kompositionelle Milchsammensetzung. Auch bei gesunden Kühen unterliegt der Milchzellgehalt geringen Schwankungen. Eine Ausnahme davon bilden die Biestmilchphase und das Ende der Laktation mit deutlichem Milchabfall, wo der Milchzellgehalt oft deutlich erhöht ist. Durch die Milchhygienerichtlinie 92/46/EWG der EU von 1993 ist ein Grenzwert von 400.000 Zellen/ ml für Konsummilch festgeschrieben. Überschreitungen des Grenzwertes sind direkt finanziell wirksam, so dass die Zellzahl ein direktes Qualitäts- und Bezahlungskriterium darstellt. Weitere Anforderungen an die Rohmilchqualität werden durch die Milchverordnung („Verordnung über Hygiene- und Qualitätsanforderungen an Milch und Erzeugnisse auf Milchbasis“ – Neufassung vom 20.07.2000) und der Milchgüterverordnung („Verordnung über die Güteprüfung und Bezahlung der Anlieferungsmilch vom 09.07.1980 in der Fassung der 5. Änderungsverordnung vom 27.12.1993“) geregelt. EMANUELSON ET AL. (1988) ermittelten genetische Beziehungen zwischen der Laktationszellzahl und der Anzahl Mastitisbehandlungen von $r_g = 0,46$ bis $r_g = 0,78$. VAN DORP ET AL. (1998a) berechnete eine genetische Korrelation zwischen dem SCS und der Mastitisfrequenz von 0,37, während JUNGE & STAMER (2003) deutlich höhere Korrelationen von 0,84 ermittelten. BROLUND (1985) berechnete eine Korrelation zwischen dem Zellgehalt und der Dauer bzw. Häufigkeit von subklinischen Mastitiden von $r_g = 0,6$, wobei für eine genaue Einschätzung der Eutergesundheit mehrere Zellzahlmessungen erforderlich sind. In israelischen Untersuchungen konnten WELLER ET AL. (1992) genetische Beziehungen zwischen der Zellzahl und dem Auftreten bakterieller Infektionen von $r_g = 0,99$ in einer Ver-

suchsherde nachweisen. Der Gehalt an somatischen Zellen pro ml Milch kann in absoluten Zahlen dargestellt werden oder er wird logarithmisch transformiert zum Erreichen einer Normalverteilung. Zur Verringerung der Varianz wird die somatische Zellzahl für Heritabilitätsschätzungen häufig als Linear Somatic Cell Score (SCS) dargestellt.

$$\text{SCS} = \log_2 (\text{Zellzahl} / 100.000) + 3$$

Die Heritabilitäten für Eutererkrankungen (Tabelle 49) liegen um 0,05, allerdings besteht eine große genetische Variation zwischen verschiedenen Bullennachkommenschaften. Die genetischen Korrelationen zwischen der Milchmenge und klinischer Mastitis sind sehr ungünstig (URIBE ET AL. 1995). Die genetischen Korrelationen zwischen Eutererkrankungen und der Zellzahl liegen zwischen 0,5 – 0,84 (EMANUELSON ET AL., 1988, PÖSÖ & MANTYSAARI ET AL., 1995; JUNGE & STAMER, 2003). Als weitere Indikatoren für Mastitis werden die Euterqualität, bakteriologische Befunde, die Leitfähigkeit der Milch und die Melkgeschwindigkeit bzw. andere Melkbarkeitsparameter genutzt.

Tabelle 49: Material, Heritabilitäten (h^2), Standardfehler (SE_h^2), Schätzmethode, Modell und berücksichtigter additiv-genetischer Effekt für das Auftreten von Eutererkrankungen

Literaturquelle		Tiermaterial				Me- thode	Mo- dell- typ	h^2	SE_h^2	genet. Effekt
Autoren	Jahr	Rasse	Lakt.	n						
Lyons et al.	1991	Holstein	alle	11.008	B	REML	linear	0,14	0,05	Vater
Uribe et al.	1995	Canadi- an Hol- stein	1	7.416	T	REML	linear	0,15	0,02	-
Van Dorp et al.	1998	Holstein	1	4.368	T	REML	linear	0,04	-	Tier
Rupp & Boichard	1999	French Holstein	1	29.284	T	REML	linear	0,02	0,02	Tier
Heringstad et al.	1999		1	12.871	T	REML	linear*	0,19	0,04	Vater
Heringstad et al.	1999		1	1.743.224	B	REML	linear	0,04	-	Vater
Kadarmideen et al.	2000	Holstein	1	9.025	T	MCMC	linear*	0,11	0,04	Vater
Hansen et al.	2000	Danish Holstein	1	999.639	T	REML	linear	0,04	0,004	Vater
Amin et al.	2000	Ungar. HF	1	630	T	REML	linear	0,09	0,01	Tier
			2	628	T	REML	linear	0,11	0,01	Tier
			3	628	T	REML	linear	0,19	0,02	Tier

* mit Schwellenwertmodell; B = Beobachtungen; T = Tiere

Bisher erfolgt nur eine indirekte Selektion gegen klinische und subklinische Mastitis unter Nutzung der Somatischen Zellzahl, welche auch eine höhere Heritabilität als klinische Mastitiden aufweist (Tabelle 50). JUNGE & STAMER (2003) berechneten Heritabilitäten von 0,09 für Mastitisanfälligkeit und 0,11 für SCS. Genauigkeitsberechnungen ergaben, dass bei einer zusätzlichen Berücksichtigung von Mastitiserkrankungen in Verbindung mit der Zellzahl die Genauigkeit der Zuchtwerte für Eutergesundheit um 15 – 20% gegenüber der alleinigen Berücksichtigung der Zellzahl gesteigert werden kann. Diese Ergebnisse decken sich mit Berechnungen von ERIKSSON (1991) und PHILIPSSON ET AL. (1995) die ebenfalls Genauigkeitssteigerungen von 13 bis 21 % angaben.

Tabelle 50: Material, Heritabilitäten (h^2), Standardfehler (SE_h^2), Schätzmethode, Modell und berücksichtigter additiv-genetischer Effekt für die Zellzahl (SCS)

Literaturquelle		Tiermaterial				Me- thode	Mo- dell- typ	h ²	SE _h ²	genet. Effekt
Autoren	Jahr	Rasse	Lakt.	n						
Weller & Ezra	1997	Israeli Holstein	Alle	440.558	B	REML	linear	0,16	-	Tier
			1	440.558	B	REML	linear	0,13	-	Tier
			2	440.558	B	REML	linear	0,13	-	Tier
Rupp & Broichard	1999	French Holstein	1	29.284	T	REML	linear	0,17	0,02	Tier
Weigel et al.	1999	Holstein	Alle	52.688	T	REML	linear	0,11	-	Vater
Castillo-Juarez et al.	2000	Holstein	1	248.230	T	REML	linear	0,10	-	Vater

B = Beobachtungen; T = Tiere

4 Fruchtbarkeitsstörungen

Die Problematik der züchterischen Bearbeitung von Fruchtbarkeitsmerkmalen liegt in der Vielzahl genetischer und umweltbedingter Einflüsse. Fruchtbarkeit als Solche ist nicht direkt messbar. Bestimmbar ist nur das Ergebnis, das unter den zahlreichen Einflussfaktoren zustande kommt. Neben den maternalen Effekten der Kuh (Konzeptionsfähigkeit) wirken sich die Einflüsse des Besamungsbullen (paternaler Einfluss, Befruchtungsfähigkeit) und die Überlebensfähigkeit des Embryos auf die Fruchtbarkeitsleistung aus. Für die Zuchtwertschätzung sollten diese Einzelkomponenten trennbar sein, um Zuchtwerte für die paternale und die maternale Fruchtbarkeit schätzen zu können. Da das kaum möglich ist, wird die Überlebensfähigkeit des Embryos sowohl für die paternale als auch für die maternale Komponente geschätzt.

Ovarzysten

Ovarzysten stellen die am häufigsten diagnostizierte gynäkologische Fruchtbarkeitsstörung in der Milchviehzucht dar. Man spricht von Ovarzysten bei Vorhandensein großer Follikelstrukturen (>2,5 cm) an einem oder beiden Eierstöcken und Abwesenheit eines Gelbkörpers (HOOIJER ET AL., 2000). In der Praxis äußert sich diese Erkrankung in Form von Brunstlosigkeit, unregelmäßigen Zyklen oder Dauerbrünstigkeit (Nymphomanie). Ursache sind häufig neuroendokrine Störungen infolge des postpartalen Energiedefizites. In Tabelle 51 sind Heritabilitäten für das Auftreten von Ovarzysten dargestellt.

Tabelle 51: Quelle, Tiermaterial, Modell und Heritabilität für das Merkmal Ovarzysten

Quelle	Modell	Rasse	Tierzahl	Heritabilität
VAN DORP et al. 1998	Linear	Holstein	4.368	0,02
DISTL, 1991	Schwellenmodell	Braunvieh	3.740	0,028
HOOIJER et al. 2000	Schwellenmodell	Holstein	15.562 (B)	0,102

HOOIJER ET AL. 2000 ermittelten signifikante Unterschiede in der Inzidenz von Ovarzysten zwischen der ersten und folgenden Laktationen (5,89% versus 8,51%) und positive Korrelationen zur Milchleistung (Tabelle 52).

Tabelle 52: Genetische Korrelationen zwischen den Produktionsmerkmalen und dem Auftreten von Ovarzysten

Quelle	Merkmale	Genet. Korrelationen
HOOIJER et al. 2000	Milchleistung (kg) : Zysten	0,34
	Fettleistung (kg) : Zysten	0,38
	Eiweiß (kg) : Zysten	0,44

Nachgeburtsverhaltung

Von einer Nachgeburtsverhaltung spricht man, wenn die Nachgeburt oder Teile davon 24 Stunden nach der Abkalbung noch nicht vollständig abgelöst sind. Nachgeburtsverhaltungen verursachen in der Milchviehhaltung enorme ökonomische Verluste in Form von hohen Behandlungskosten, Milchverlusten, Fruchtbarkeitsstörungen und verlängerten Rastzeiten. LISSEMORE ET AL. (1997) bezifferten die Kosten mit 285 \$ pro Erkrankungsfall. Tabelle 53 gibt Literaturwerte zu Heritabilitätsschätzungen für das Merkmal Nachgeburtsverhaltung wider.

Tabelle 53: Quelle, Modell, Tiermaterial und Heritabilität für das Merkmal Nachgeburtsverhaltung

Quelle	Modell	Rasse	Tierzahl	Heritabilität
VAN DORP et al. 1998	Linear	Holstein	4.368	0,01
DISTL, 1991	Schwellenmodell	Braunvieh	3.740	0,042

Metritis/Endometritis

Metritis beschreibt die Entzündung der gesamten Gebärmutter, während Endometritis eine Entzündung der Gebärmutterschleimhaut ist. Das Hauptsymptom ist bei beiden Erkrankungen der eitrige Ausfluss in unterschiedlichen Intensitätsstufen. Die Abgrenzung der beiden Erkrankungen ist sehr schwierig allerdings sind mehr als 95 % der in der Praxis auftretenden Erkrankungsfälle der Endometritis zuzuordnen. Tabelle 54 zeigt h^2 -Werte für das Auftreten von Metritis/ Endometritis.

Tabelle 54: Quelle, Modell, Tiermaterial und Heritabilität für das Merkmal Metritis/ Endometritis

Quelle	Modell	Rasse	Tierzahl	Heritabilität
VAN DORP et al. 1998 DISTL, 1991	Linear	Holstein	4.368	0,02
	Schwellenmodell	Braunvieh	3.740	0,042

Anöstrie/ Azyklie

Anöstrische Tiere zeigen keinerlei Brunstsymptome. Allerdings kann diese Brunstlosigkeit krankhafte Ursachen haben (Azyklie) z.B. Ovaraplasie, Ovarhypoplasie, Zysten oder persistierende Gelbkörper oder nur nicht erkannt sein aufgrund von stiller Brunst (Anaphrodisie). DISTL (1991) schätzte für dieses Merkmal einen h^2 -Wert von 0,09 (Tabelle 55).

Tabelle 55: Quelle, Modell, Tiermaterial und Heritabilität für das Merkmal Anöstrie

Quelle	Modell	Rasse	Tierzahl	Heritabilität
DISTL, 1991	Schwellenmodell	Braunvieh	3.740	0,088

5 Stoffwechselstörungen

Klinische Ketose

MANTYSAARI ET AL. (1991) ermittelten eine Laktationsinzidenz von 0,05 % für Ketose an 28.277 Finnish Ayrshire Kühen der ersten und zweiten Laktation. Die genetischen Korrelationen zwischen der ersten und der zweiten Laktation lagen bei 0,64. Die genetische Analyse erfolgte mit einem 4 Merkmalsmodell, unter Berücksichtigung von Herde-Jahr, Erstkalbealter, Abkalbemonat, genetischer Gruppe und dem Vätereffekt. In Tabelle 56 sind die in der Literatur angegebenen Heritabilitäten zusammengestellt.

Tabelle 56: Quelle, Tiermaterial und Heritabilität für klinische Ketosen

Quelle/Merkmal	Modell	Rasse	Tierzahl	Heritabilität
MANTYSAARI et al. 1991	Linear, REML	Finnish Ayrshire	28.277	0,07 – 0,09
URIBE et al. 1995	Linear, REML	Canad. Holstein	7416 T	0,09
VAN DORP et al. 1998	Linear	Holstein	4.368	0,39

Fortsetzung Tabelle 56

Quelle/Merkmal	Modell	Rasse	Tierzahl	Heritabilität
KOCHNEV et al. 1998		Sibirische Sbt.		0,186
DISTL, 1991	Schwellenwertmodell	Braunvieh	3.740	0,0175
DISTL, 2001	Schwellenwertmodell	Schwed. RTB	650.000	0,0032
DOHOO & MARTIN, 1984	Schwellenwertmodell	HF	2.008	0,31

Gebärparese

URIBE ET AL. (1995) gibt in seinem Artikel eine Krankheitsrate von 6,8 % für Gebärparese über alle Laktationen an. Die Erblichkeit lag bei 0,09. Die Produktionsmerkmale Milch (kg), Fett (kg) und Eiweiß (kg) zeigten eine negative genetische Korrelation zum Auftreten von Gebärparese. Bei der Korrelation zur Milchleistung (kg) lag dieser Wert bei $r_g = -0,67$. In Tabelle 57 sind weitere Heritabilitäten für das Merkmal Gebärparese angegeben.

Tabelle 57: Quelle, Tiermaterial und Heritabilität für Hypocalzämische Gebärparese

Quelle/Merkmal	Modell	Rasse	Tierzahl	Heritabilität
VAN DORP et al. 1998	Linear	Holstein	4.368	0,04
DISTL, 1991	Schwellenwertmodell	Braunvieh	3.740	0,013
DISTL, 2001	Schwellenwertmodell	Schwed. RTB	650.000 T	0,0028

Labmagenverlagerung (LMV)

WOLF ET AL. (2001) registrierten 151 Kühe mit LMV innerhalb eines Jahres in 160 Niedersächsischen Milchviehbetrieben mit 9.314 Kühen (1,6 %). Mehr als 75% der Fälle traten innerhalb der ersten 30 Laktationstage auf. Die linksseitige LMV wurde mit 74,8% aller Erkrankungsfälle wesentlich häufiger als die rechtsseitige LMV (25,2%) diagnostiziert. Im Modell wurden der Kalbemonat, die Laktationsnummer, das Kalbealter, der Inzuchtgrad, der Kalbeverlauf, die Trächtigkeitsdauer, Rasse und Geschlecht des Kalbes und der Vater des Kalbes berücksichtigt. Signifikante Effekte wurden für den Vater des Kalbes, Zwillings- und Mehrlingsgeburten und den Herdeneffekt ermittelt.

Tabelle 58 zeigt die in der Literatur geschätzten Heritabilitäten für das Merkmal Labmagenverlagerung.

Tabelle 58: Quelle, Tiermaterial und Heritabilität für das Merkmal Labmagenverlagerung

Quelle/Merkmal	Modell	Rasse	Tierzahl	Heritabilität
LMV rechts WOLF et al. (2001)	Schwellenwertmodell Linear REML	Holstein Frisian	151	0,19
		Holstein Frisian	151	0,007
LMV links WOLF et al. (2001)	Schwellenwertmodell Linear REML	Holstein Frisian	151	0,51
		Holstein Frisian	151	0,043
LMV URIBE et al. 1995 VAN DORP et al. 1998	Linear, REML linear	Canad. Holstein	7.416	0,28
		Holstein	4.368	0,00

6 Literaturverzeichnis

ABDEL-AZIM, G.A.; BERGER, P.J. (1999):

Properties of threshold model predictions. J. Anim. Sci. 77:582-590.

AMIN, A., GERE, R., KISHK, W. (2000):

Additive genetic variance and covariance in some reproductive disorders in Hungarian Holstein Frisian using multi-trait animal models. Arch. Tierz. Dummerstorf 43; 6: 573 – 581

ANACKER, G., RIEHMER, K. (1996):

Die Möglichkeiten zur Einbeziehung funktionaler Merkmale zur Erhöhung der Aussagesicherheit in die Leistungsprüfung und Zuchtwertschätzung von Bullen. Forschungsbericht der Thüringer Landesanstalt für Landwirtschaft

BANOS, G. (1999):

From research to application: A summary of scientific developments and possible implementation to the genetic improvement for functional traits. Proceedings: International Workshop on EU Concerted Action on Genetic Improvement of Funktional Traits in Cattle; Wageningen 1999

Bar-Anan, R. (1984): Continuous progeny testing, use and selection of proven bulls in Israel. J. of the Scientific Agricultural Society of Finland 55/6, 489-495

BARNOUIN, J., CHASSAGNE, M. (1998):

Factors associated with clinical mastitis incidence in French dairy herds during late gestation and early lactation. Vet. Res. 1998 Mar-Apr; 29 (2): 159 - 171

BAUMGARTNER, C.F. (1988):

Untersuchungen über Klauenmaße als Hilfsmerkmale für die Selektion auf Klauengesundheit an Töchtergruppen von Deutschen Fleckviehbullen. Diss. (vet.med.) München

- BAUMGARTNER, C.F., DISTL, O., KRÄUSSLICH, H. (1990):
Eignung von Indikatormerkmalen für die Zucht auf Klauengesundheit beim Deutschen Fleckvieh. Züchtungskunde 62; 195-207
- BERGFELD, U., KLUNKER, M. (2002):
Bedeutung funktionaler Merkmale in der Rinderzucht und Möglichkeiten für deren züchterische Verbesserung. Arch. Tierz. Dummerstorf 45 (2002), Sonderheft, 60 – 67
- BERGMANN, A. (1985):
Wirkungsvollere Diagnostik mit Antibiotogramm bei akuten Mastitiden. Monatsh. Vet.med. Jena 40, 118 – 120
- BLOWEY, R. (1998):
Klauenpflege bei Rindern und Behandlung von Lahmheit; Verlag Eugen Ulmer
- Boettcher, P.J., Dekkers, J.C.M., Warnick, L.D., Wells, S.J. (1998):
Genetic Analysis of clinical lameness in dairy cattle. J. Dairy Sci. 81: 1148-1156
- BROLUND, L. (1985):
Cell counts in bovine milk. Causes of variation and applicability for diagnosis of subclinical mastitis. Acta Vet. Scand. Suppl. 80
- BROTHERSTONE, S., HILL, W.G. (1991):
Dairy herd life in relation to linear type traits and production.2. Genetic analyses for pedigree and nonpedigree cows. Anim. Prod. 53 (1991), 289-297
- CASELL, B.G. (1996):
Improved Foot Health: Genetic and Management
Implications.<http://www.ext.vt.edu/pubs/dairy/404-235/404-235.html>
- CASTILLO-JUAREZ, H., OLTENACU, P.A., BLAKE, R.W., MCCULLOCH, C.E., CIENFUEGOS-RIVAS, E.G. (2000):
Effect of herd environment on the genetic and phenotypic relationships among milk yield, conception rate, and somatic cell score in Holstein cattle. J. Dairy Science 83 (4): 807 - 814
- CHOI, Y.S., MC DANIEL, B.T. (1993):
Heritabilities of measures of hooves and their relation to Other traits of Holsteins. J. Dairy Sci. 76 (1993), 1989-1993
- COLLICK, D.W., WARD, W.R., DOBSON, H. (1989):
Associations between types of lameness and fertility. Vet. Rec. 125 (5): 103 – 106
- DISTL, O. (1990):
Zucht auf Widerstandsfähigkeit gegen Krankheiten beim Rind. Enke Verlag
- DISTL, O. (1991):
Epidemiologic and genetic analysis of veterinary data of German Brown cattle. Berl. Münch. Tierärztl. Wochenschrift 1991 Nov. 1 ; 104 (11); 375-383
- DISTL, O. (1992):
Genetische Analyse von Krankheitshäufigkeiten mit dem Schwellenmodell bei südbayerischen Milchviehherden. Züchtungskunde 64, S. 1 – 19

- DISTL, O. (1995):
Züchterische Verbesserung von Fundamentsmerkmalen und Klauengesundheit beim Rind.
Züchtungskunde 67 (6), 1995, S. 438-448
- DISTL, O. (1999):
Zucht auf ein gesundes Fundament beim Milchrind. Züchtungskunde, 71 (1999), 446-458
- DISTL, O. (2001):
Die Bedeutung von Gesundheitsmerkmalen in der Zucht von Milchrindern. Arch. Tierz.
Dummerstorf 44 (2001) 4; 365 – 380
- DOHOO, I.R., MARTIN, S.W. (1984):
Disease, production and culling in Holstein-Frisian cows; II. Age, season and sire effects.
Preventive Veterinary Medicine 2 (1984); 655 - 670
- EMANUELSON, U., DANELL, B., PHILIPSSON, J. (1988):
Genetic parameters for clinical mastitis, somatic cell counts on milk production estimated by
Multiple-Trait Restricted Maximum Likelihood. J. Dairy Sci. 71, 467-476
- ERIKSSON, J.A. (1991):
Mastitis in cattle. In: OWEN, J.B. & AXFORD, R.F.E.: Breeding for disease resistance in
farm animals. CAB International, Wallingford 394 - 411
- FATEHI, J., STELLA, A., SHANNON, J.J., BOETTCHER, P.J. (2003):
Genetic parameters for feet and leg traits evaluated in different environments. J. Dairy Sci.
86, 661-666
- FOURCHION et al. (1999) zitiert bei Evans, E. (2003):
Auswirkungen von Stoffwechselstörungen auf die Fruchtbarkeit. Vortrag 7. Symposium „Füt-
terung und Management von Kühen mit hohen Leistungen“ 23.01.03 Neuruppin, Tagungs-
bericht 5 – 31
- FUNKE, U. (1991):
Genetische Analyse direkter Merkmale zur Selektion auf Verbesserung der Mastitisresistenz
beim Schwarzbunten Milchrind. Dissertation Berlin
- Gilmour, A.R., B.R. Cullis, S.J. Welham and R. Thompson. (2000).
ASREML Reference Manual. NSW Agriculture, Orange Agric. Inst. Orange, Australia.
- GONYON, D., EVERSON, D., CHRISTIAN, R. (1982):
Heritability of mastitis score in Pacific Northwest Dairy Herds. J. Dairy Sci. 65: 1269-1276
- GROEN, A., STEINE, T., COLLEAU, J.J., PETERSEN, J., PRIBYL, J., REINSCH, N. (1997):
Economic values in dairy breeding, with special reference to functional traits. Report of an
EAAP-working group. Livestock Production Science 49 (1997), 1-21
- GRUPE, S. (1996):
Identifizierung von genetischen Markern für ausgewählte sekundäre Merkmale beim Rind.
Dissertation Rostock
- HAHN, M.V., MC DANIEL, B.T., WILK, J.C. (1984):
Genetic and environmental variation of hoof characteristics in Holstein cattle. J. Dairy Sci-
ence 67 (12): 2986-2998

- HAMANN, H., DISTL, O. (2001):
Prediction of functional longevity for dairy cows by using foot quality traits in German Holstein bulls. Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France, 19.-23.08.02
- HANSEN, M., LUND, M., SORENSEN, M., CHRISTENSEN, L. (2000):
Genetic Parameters of dairy character, protein yield, clinical mastitis, and other diseases in the Danish Holstein Cattle; Poster presentation EAAP 2000, Session G 4.14 Abstract no. 366
- HARLIZIUS, B. (1995):
Perspektiven der Zucht auf Gesundheit beim Milchrind mit Hilfe der Molekulargenetik.; Jahrestagung der DGfZ Verden
- HERINGSTAD, B.; KLEMETSDAL, G.; RUANE, J. (1999):
Clinical mastitis in Norwegian cattle: frequency, variance components and genetic correlation with protein yield. J. Dairy Sci. 82: 1325-1330.
- HERINGSTAD, B.; REKAYA, R.; GIANOLA, D.; KLEMETSDAL, G.; WEIGEL, K. A. (2003):
Genetic change for clinical mastitis in norwegian cattle: a threshold model analysis. J. Dairy Sci. 86: 369-375.
- HERNANDEZ, J., SHEARER, J.K., WEBB, D.W. (2001):
Effect of lameness on the calving-to-conception interval in dairy cows. J. Am. Vet. Med. Assoc. 218 (10): 1611 – 1614
- HOOJER, G.A., LUBBERS, R.B.F., DUCRO, B.J., VAN ARENDONK, J.A.M., KAAL-LANSBERGEN, L.M.T.E., VAN DER LENDE, T. (2000):
Genetic parameters for cystic ovarian diseases in Dutch black and white dairy cattle. J. Dairy Science 84: 286-291
- HUANG, Y., SHANKS, R. (1995):
Within herd estimates of heritabilities for six hoof characteristics and impact of dispersion of discrete severity scores on estimates. Livestock Production Science 44: 107-114
- JAKOB, H. (1996):
Tierarztkosten beim Deutschen Fleckvieh und Deutschen Braunvieh – Variationsursachen, Heritabilität und Beziehungen zur Milchleistung. Dissertation München
- JUNGE, W., STAMER, E. (2003):
Zucht auf funktionale Merkmale beim Milchrind. 3. Rinder-Workshop Uelzen 2003: 53-61
- KADARMIDEEN, H., REKAYA, R., GIANOLA, D. (2000):
Genetic Analysis of Repeated Mastitis Episodes with Bayesian Longitudinal Threshold Models. 51. Annual Meeting of EEAP, August 2000, Session G 4.5
- KADARMIDEEN, H. N., SIMM, G. (2002):
Selection responses expected from index selection including disease resistance, fertility and longevity in cattle. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production
- KELTON, D.F., LISSEMORE, K.D., MARTIN, R.E. (1998):

- Recommendations for recording and calculating the incidence of selected clinical diseases of dairy cattle. J. Dairy Science 81: 2502 - 2509
- KOCHNEV, N.N., ERNST, L.K., PETUKHOV, V.L., ZHELTIKOV, A.I., NEZAVITIN, A.G., MARENKOV, V.G. (1998):
Genetics of ketosis resistance in cattle. Genetika 2/1998; 34 (2): 285-289 Abstract
- KÖNIG, S., SWALVE, H.H. (2000):
Nutzung der Ergebnisse der Interbull-Zuchtwertschätzung zum Vergleich des genetischen Niveaus von Ländern. Vortragstagung DGFZ/GFT Kiel 20./21.09.2000
- KOVAC, M.; GROENEVELD, E. (2003):
VCE-5 User's Guide and Reference Manual, Version 5.1
Kühn, C., Bennewitz, J., Reinsch, N., Xu, N., Thomsen, H., Looft, C., Brockmann, G.A., Schwerin, M., Weimann, C., Hiendleder, S., Erhardt, G., Medjugorac, I., Förster, M., Brenig, B., Reinhardt, F.,
- REENTS, R., RUSS, I., AVERDUNK, G., BLÜMEL, J., KALM, E. (2003):
Quantitative trait loci mapping of functional traits in the German Holstein cattle population. J. Dairy Science 86: 360 – 368
- LESCOURRET, F., COULON, J.B., FAYE, B. (1995):
Predictive model of mastitis occurrence in the dairy cow. J. Dairy Science 78 (10): 2167 - 2177
- LISSEMORE, K.D., KELTON, D.F., DEKKERS, J.C.M. (1997):
Recommendations for recording and presenting selected clinical diseases of dairy cattle. Dairy Research Report University of Guelph;
<http://cgil.uoguelph.ca/pub/97dairyres/97drepjcd.html>
LKV Sachsen, Jahresberichte der Milchleistungsprüfung 2002/2003
- LUND, M.; JENSEN, J.; PETERSEN, P. (1999):
Estimation of genetic and phenotypic parameters for clinical mastitis, somatic cell score, production deviance and protein yield in dairy cattle using Gibbs sampling. J. Dairy Sci. 82: 1045-1100.
- LYONS, D., FREEMAN, A., KUCK, A. (1991):
Genetics of Health Traits in Holstein Cattle. J. Dairy Sci. 74, 1092-1100
- MACK, G. (1996):
Wirtschaftlichkeit des züchterischen Fortschrittes in Milchviehherden – Gesamtbetriebliche Analyse mit Hilfe eines simultan-dynamischen linearen Planungsansatzes. Dissertation
- MANSKE, T., HULTGREN, J., BERGSTEN, C. (2002):
The effect of claw trimming on the hoof health of Swedish dairy cattle. Prev. Vet. Med. 54 (2):113 – 129
- MANTYSAARI, E.A., GROHN, Y.T., QUAAS, R.L. (1991):
Clinical ketosis: phenotypic and genetic correlations between occurrences and with milk yield. J Dairy Science 74 (11): 3985 - 3993
- MÄNTYSAARI, E., A., GRÖHN, J.T. (1991):

- Clinical ketosis: phenotypic and genetic correlations between occurrences and with milk yield. *Journal of Dairy Science* 74, 3985 – 3993
- MC DANIEL, B.T., HAHN, M.V., WILK, J.C. (1982):
Floor surfaces and effect upon feet and leg soundness. *Proceedings of the Symposium on Management of Food Producing Animals. Purdue University, USA, Vol 2: 816; zitiert bei Baumgartner (1988)*
- NEERHOF, H.J., MADSEN, P., DURCOCQ, V.P., VOLLEMA, A.R., JENSEN, J., KORSGAARD, I.R. (2000):
Relationships between mastitis and functional longevity in Danish Black and White Dairy cattle estimated using survival analysis. *J. Dairy Science* 83: 1064-1071
- NIELSEN, H.M., GROEN, A.F., ØSTERGAARD, S., BERG, P. (2002):
A model for the derivation of economic values of production and functional traits in dairy cattle. *7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*
- ØDEGÅRD, J., KLEMETSDAL, G., HERINGSTAD, B. (2003):
Genetic improvement of mastitis resistance: Validation of somatic cell score and clinical mastitis as selection criteria. *J. Dairy Sci.* 86: 4129-4136.
- PÄTSCH, I. (2002):
Computergestütztes Zuchtmanagement der Milchrinderherde des Lehr- und Forschungsgutes Ruthe. *Diss. Med. vet. Hannover*
- PHILIPSSON, J. (1995):
Züchtung auf Gesundheit am Beispiel Skandinavien – erfolgreiche Kooperation von Landwirt, Tierarzt, MLP und Zuchtorganisationen. *Züchtungskunde* 67, 454 – 460
- PHILIPSSON, J., RAL, G., BERGLUND, B. (1995):
Somatic cell count as a selection criterion for mastitis resistance in dairy cattle *Livestock Production Science* 41: 195 - 200
- PHILIPSSON, J. (2000):
Strategien zur Verminderung von Kälberverlusten (Totgeburten) *Züchtungskunde* 72 (2000), 440 – 449
- POLITIEK, R.D. (1981):
Does selection for characteristics of the udder, teats, ease of milking and udder health offer any prospects of improvement resistance to mastitis? *Tijdschr Diergeneeskd.* 106 (11): 546 – 553 Abstract
- PÖSÖ, J., MÄNTYSAARI, E.A. (1996):
Genetic relationship between udder health and milk yield in Finnish Ayrshire. *46th Annual Meeting of EAAP, Prag 4. – 7.9.1995*
- RAVEN, E.T. (1971):
Klauenpflege beim Rind; Universität Utrecht
- REINSCH, N. (1995):
Züchterische Bedeutung der Gesunderhaltung. *Jahrestagung der DGfZ 1995 Verden*
- ROGERS, G.W., HARGROVE, G.L., COOPER, J.B. (1995):

- Correlations among somatic cell scores of milk within and across lactations and linear type traits of Jerseys. *J. Dairy Science* 78 (4): 914-920
- RUPP, R., BOICHARD, S. (1999):
Genetic parameters for clinical mastitis, somatic cell score, production, udder type traits and milking ease in first lactation Holsteins. *J. Dairy Sci.* 82: 2198 – 2204
- SCHALLENBERGER, E. (2003):
Wie kann die Eutergesundheit verbessert werden sowie Vorbeugung und Behandlungsalternativen bei Färsenmastitis. *SRV-Journal* www.srv.de
- SCHOMAKER, T. (2001):
Ansätze zur Entwicklung einer Leistungsprüfung für funktionale Merkmale beim Milchrind. Dissertation Kiel
- SCHÖNMUTH, G., FUNKE, U., SEELAND, G. (1992):
Untersuchungen zur Heritabilität von direkten Eutererkrankungsmerkmalen und ihren Beziehungen zwischen den Laktationen. *Arch. Tierz. Dummerstorf* 35 (½), 5 - 16
- SEYKORA, A.J., MCDANIEL, B.T. (1986):
Genetics statistics and relationships of teat and udder traits, somatic cell counts, and milk production. *J. Dairy Science* 69 (9): 2395 – 2407
- SIMIANER, H., SOLBU, H., SCHAEFFER, L.R. (1991):
Estimated genetic correlations between disease and yield traits in dairy cattle. *J. Dairy Science* 74, 4358 - 4365
- SIMIANER, H., KÖNIG, S. (2002):
Ist Zucht auf Krankheitsresistenz erfolgreich? Vortrag Jahrestagung DGFZ/GFT 17.09.02
- SMIT, H., VERBEEK, B., PETERSE, D., JANSEN, J., MCDANIEL, B., POLITIEK, R. (1986):
Genetic aspects of claw disorders, claw measurements and „type“ scores for feet in frisian cattle. *Livestock Production Science* 15; 205 – 217
- SOLBU, H. (1984):
Disease recording in Norwegian dairy cattle. II. Heritability estimates and progeny testing for mastitis, ketosis and “all diseases”. *Zeitschrift für Tierzüchtung und Züchtungsbiologie* 101/1, 51-58
- STRANDBERG, E., SHOOK, G.E. (1989):
Genetic and economic responses to breeding programs that consider mastitis. *J. Dairy Science* 72, 2136 – 2142
- SWALVE, H.H. (2003):
Züchtungsstrategien auf hohe Nutzungsdauer – Welche Möglichkeiten bieten sich? *Rinderproduktion* 50/2003, 16 - 19
- SYVJÄRVI, J. (1987):
Genetic improvement of mastitis through selection – practical applications in Finland.
- THALLER, G., KRAMER, W., WINTER, A., KAUPPE, B., ERHARDT, G., FRIES, R. (2003):
Effects of DGAT1 variants on milk production traits in German cattle breeds. *J. Animal Science* 81 (8); 1911-1918

- URIBE, H., KENNEDY, B., MARTIN, S., KELTON, D. (1995):
Genetic parameters for common health disorders of Holstein cows. J. Dairy Sci. 78: 421-430
- VAN DORP, T., DEKKERS, J., MARTIN, S., NOORDHUIZEN, J. (1998a):
Genetic parameters for clinical mastitis, somatic cell score, production, udder type traits, and milking ease in first lactation Holsteins. J. Dairy Sci. 81: 2264-2270
- VAN DORP, T.E., DEKKERS, J.C.M., MARTIN, S.W., NOORDHUIZEN, J.P.T.M. (1998):
Genetic parameters of health disorders and relationships with 305-day milk yield and conformation traits of registered Holstein cows. J. Dairy Science 81: 2264 - 2270
- VUKASINOVIC, N., MOLL, J., CASANOVA, L. (2001):
Implementation of a routine genetic evaluation for longevity based on survival analysis techniques in dairy cattle populations in Switzerland. J. Dairy Science 84 (9): 2073 - 2080
- WEIGEL, K.A., REKAYA, R. (1999):
Genetic parameters for reproductive traits of Holstein cattle from California and Minnesota. J. Dairy Science 83 (5): 1072 – 1080
- WELLER, J. I., SARAN, A., ZELIGER, Y. (1992):
Genetic and environmental relationship among Somatic cell count, bacterial infection and clinical mastitis. J. Dairy Science 75, 2532 - 2540
- WOLF, V., HAMANN, H., SCHOLZ, H., DISTL, O. (2001):
Influences on the occurrence of abomasal displacements in German Holstein cows. Dtsch. Tierärztl. Wochenschrift 108 (10): 403 - 408
- WOLTER, W., KLOPPERT, B., CASTENEDA H.V., ZSCHÖCK, M. (2002):
Die Mastitis des Rindes – ein Kursbuch; Veröffentlichung des Staatl. Untersuchungsamtes Hessen und der Universidad de Guadalajara (Mexiko)
- ZHANG, W.C., DEKKERS, J.C., BANOS, G., BURNSIDE, E.B. (1994):
Adjustment factors and genetic evaluation for somatic cell score and relationships with other traits of Canadian Holsteins. J. Dairy Science 77 (2): 659 - 665

Erarbeitung von Nutzungsstrategien tierbezogener Daten in der Milchwirtschaft in Sachsen

Simone Herziger, Hartmut Berger; Sächsischer Landeskontrollverband e.V.

Dr. Ralf Fischer, Dr. Uwe Bergfeld; Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft

Inhalt

- 1 Einleitung und Problemstellung
- 2 Methodische Grundlagen, Literatur
- 3 Ergebnisse und Diskussion
 - 3.1 Entwicklung eines alternativen Datenerfassungsverfahrens für Melkbarkeitsdaten
 - 3.2 Modellentwicklung für ein Monitoringsystem
- 4 Integration des Testherdensystems in die Kommunikationsplattform lkv.net
- 5 Zusammenfassung
- 6 Literaturverzeichnis

1 Einleitung und Problemstellung

In den vergangenen Jahren war ein rasanter Anstieg des Milchleistungsniveaus zu verzeichnen. Im MLP-Prüfjahr 2004/05 wurden im Mittel von 191.087 Milchkühen (A + B) aus 1.075 sächsischen Betrieben bei einer MLP-Prüfdichte von 93,1 % 8375 kg Milch pro Kuh bei 4,16 % Fett und 3,44 % Eiweiß ermittelt (VIT, 2005). Dieser Leistungszuwachs war jedoch begleitet von partiell deutlichen Leistungseinschnitten in Reproduktion sowie Tiergesundheit mit deren vielfältigen Wirkungsbeziehungen, wodurch die Ökonomie der Milchproduktion stark beeinträchtigt werden kann. Daher sind mit ansteigendem Milchleistungsniveau zunehmende Anforderungen an das Management der Milchproduktion unumgänglich. Dies erfordert im Rahmen der Managementhilfe bzw. der Entscheidungsunterstützung zunächst grundsätzlich eine genaue, effiziente und disziplinierte Datenerfassung bei den Beteiligten am Milchproduktionsprozess. Darauf aufbauend ist die Notwendigkeit der Entwicklung von fachlich zweckmäßigen Verfahren der Datenkopplung bzw. des Datentransfers sowie der Datenaufbereitung und –analyse dieser Datenfluten der verschiedenen Datenquellen in Verbindung mit adäquaten IT-Methoden gegeben, um mittels komplex analysierter Datenstrukturen wertvolle Informationen für die betriebliche Entscheidungsunterstützung sowie die Milchrindzucht liefern zu können.

Neben der Optimierung des betrieblichen Managements ist es auch ein züchterisches Anliegen, den sich gegenwärtig abzeichnenden Produktivitätsverlusten der Milchkühe insbesondere hinsichtlich Reproduktionsleistung und Tiergesundheit, die mit dem ansteigenden Milchleistungsniveau einhergehen, entgegen zu wirken. Aus diesem Grunde konzentrieren sich die Zuchtziele in der Milchrindzucht seit geraumer Zeit zunehmend intensiver auf den Bereich der sog. „Funktionalen Merkmale“. Die züchterische Ausgangssituation der zur Beschreibung dieses Zuchtziels herangezogenen Merkmale ist diffizil. Daher wird diesbezüglich sowohl eine adäquate Wichtung im Zuchtziel als auch die Nutzung molekulargenetischer Informationen, insbesondere jedoch eine genauere und differenziertere Merkmalerfassung als erforderlich betrachtet, um dieser Problematik begegnen zu können.

Die Generierung von Grundlagen für die Entwicklung von Nutzungsstrategien von Einzeltierdaten, welche mittels opportuner Datenaggregation und -erschließung mit vertretbarem Aufwand eine geeignete Arbeitsgrundlage für die Anwendungsgebiete der Leistungsprüfung und Zuchtwertschätzung sowie des betrieblichen Managements und des Beratungswesens schaffen, ist Anliegen dieses Projekts. Die Erarbeitung von Lösungsansätzen zur Anwendung eines alternativen, automatisierten Verfahrens der Datenerfassung zur derzeitigen arbeits- und kostenintensiven Methodik der Melkbarkeitsprüfung zum Informationsgewinn für die Zuchtwertschätzung Melkbarkeit, war wesentlicher Arbeitsschwerpunkt des Projektes. Diesbezüglich war zunächst ein Verfahren der Bereitstellung von Melkprozessdaten zu generieren bzw. zu erproben. Darüber hinaus waren mittels der Analyse der aus der Software zum melktechnischen System ausgelesenen Melkprozessdaten methodische Grundlagen sowie inhaltliche Schwerpunkte der Datenaufbereitung zu erarbeiten, um repräsentative, qualitativ hochwertige Melkbarkeitsdaten mit

Hilfe eines automatisierten Datenerfassungsverfahrens gewinnen zu können. Weiterhin soll im Rahmen des Projektes die Entwicklung eines Beratungskonzeptes bzw. Monitoring-Systems auf der Basis der tierbezogenen Daten vorangetrieben werden, mit dem Ziel der Bereitstellung zeitnaher, komplexer Analysen und Auswertungen relevanter Produktionskennzahlen für das betriebliche Management sowie die produktionstechnische Beratung. Ein solches Monitoring-System im Sinne eines entscheidungsunterstützenden Systems dient der Qualitätssicherung im Rahmen betrieblicher Managementpläne sowie den veränderten, zunehmend anspruchsvollen Managementanforderungen aufgrund der Problematik der Produktion in physiologischen Grenzbereichen. Weil die Effizienz des Testherdensystems neben einer präzisen Datenerfassung beim Milcherzeuger nicht zuletzt von einer leistungsfähigen technologischen Lösung der Datenbereitstellung und -verarbeitung abhängig ist, sollte in diesem Projekt auch die Generierung relevanter Schnittstellen im Herdenmanagementsystem HerdeW forciert werden. Es müssen Voraussetzungen geschaffen werden, die Kommunikationslösung Ikv.net des LKV in den Systemaufbau des Testherdensystems zu implementieren, um aus dem Herdenmanagementsystem ausgelesene Daten transferieren zu können.

Der verwandte Datenpool umfasst einerseits verschiedene Melkprozessparameter und andererseits Daten aus der MLP sowie der Rohmilch-Güteprüfung. Aus dem Herdenmanagementsystem konnten wegen fehlender Schnittstellen keine Daten hinzugezogen werden. Bei den einzig aus den Herdenmanagementsystemen zu gewinnenden Daten zum Fruchtbarkeitsgeschehen sowie zur Tiergesundheit ist zu beachten, dass diese wegen deren anthropogener Datensugestion sehr kritisch zu betrachten sind.

2 Methodische Grundlagen, Literatur

Im Laufe der Zeit veränderten sich die Anforderungen an die IT-basierte Managementunterstützung aufgrund der Ausweitung der verfügbaren Datenbasis, der massiven Veränderungen der betrieblichen Rahmenbedingungen und der Marktsituation sowie der zunehmenden internen und externen Anforderungen an Transparenz und Fundierung von Entscheidungen. Aus dieser Problematik heraus erwuchs die Notwendigkeit integrierter Lösungsansätze, es entstand die Begrifflichkeit Business Intelligence (BI). Unter BI wird ein integrierter, unternehmensspezifischer, IT-basierter Gesamtansatz zur betrieblichen Entscheidungsunterstützung verstanden (KEMPER et al., 2004), welcher derzeit in der Landwirtschaft bzw. speziell im Bereich der Milchproduktion kaum Anwendung findet bzw. dessen Entwicklung wenig forciert ist. Den Aufbau eines BI-Ansatzes, des sog. BI-Ordnungsrahmens, verdeutlicht Abbildung 1.

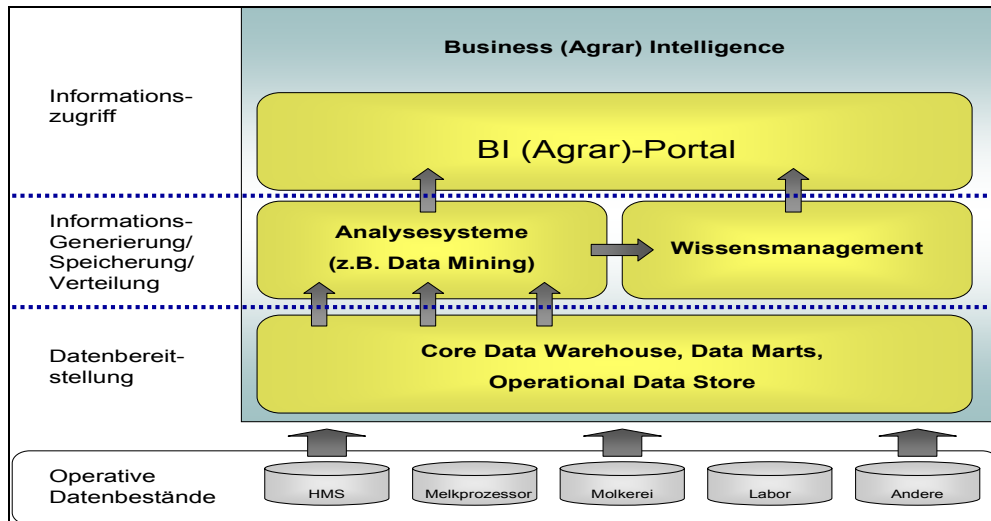


Abbildung 1: BI-Ordnungsrahmen

Grundlage jeder erfolgreichen Anwendung im BI-Umfeld sind konsistente, stimmige Daten, deren Bereitstellung in aller Regel mittels sog. Data-Warehouse-Konzepte erfolgt. Data Warehouses (DWH) sind auf internen operativen Systemen und externen Daten aufbauende logisch zentralisierte dispositive Datenhaltungssysteme, die idealtypischerweise unternehmensweit als einheitliche und konsistente Datenbasis, Analysen bzw. Managementunterstützungssystemen dienen (GABRIEL et al., 2000; MUKSCH UND BEHME, 2000). Sie bestehen aus Core Data Warehouses und Data Marts, welche sich als themenbezogene, integrierte Datenhaltungen definieren, bei denen das aus Managementsicht gewünschte, meist voraggregierte Datenmaterial dauerhaft – also historienbildend – abgelegt wird. Der integrierte Datenpool des sog. Operational Data Store (ODS) beinhaltet als Vorstufe eines analytischen Data Warehouses aktuelle transaktionsorientierte, nicht historienbildende Daten aus verschiedenen operativen Quellsystemen und stellt sie für spezielle Anwendungs- und Auswertungszwecke bereit (INMON et al., 2000). Die Befüllung der DWH-Datenbank, die auch als Core Data Warehouse bezeichnet wird, erfolgt direkt aus operativen internen und externen Quellsystemen. Zur Gewinnung dispositiver Datenhaltungen ist ein Transformationsprozess (ETL) erforderlich, bei dem die an speziellen operativen Anwendungsfeldern orientierten Daten in subjekt- bzw. themenorientierte Daten überführt werden (Abbildung 2). Der Vorgang beinhaltet im Einzelnen die Teilprozesse der Filterung, der Harmonisierung, der Aggregation sowie der Anreicherung. Das Core Data Warehouse (C-DWH), welches nach dem ETL-Prozess sämtliche Daten für unterschiedlichste Auswertungszwecke und zur Weitergabe an eine Vielzahl von Benutzern bereitstellt und bedarfsabhängig aktualisiert wird, erfüllt die nachfolgend genannten Funktionen:

Sammel- und Integrationsfunktion

(Aufnahme aller für Analysen relevanten Daten im Sinne eines logisch zentralen Datenlagers)

Distributionsfunktion

(Versorgung aller nachgeschalteten Data Marts mit Daten)

Auswertungsfunktion

(direkte Verwendung als Datenbasis für Analysen unter Umgehung der Data Marts)

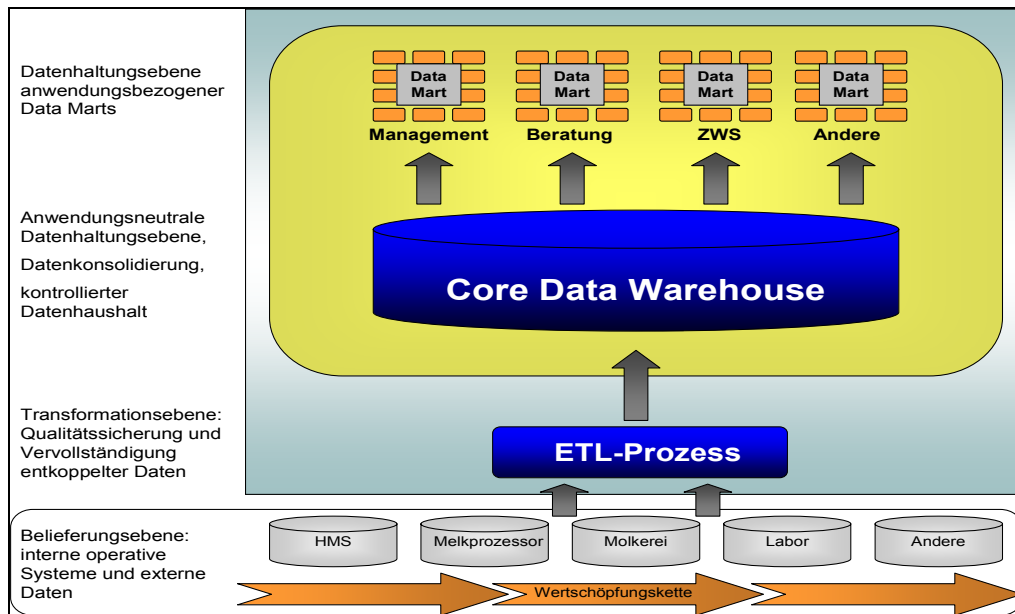


Abbildung 2: Data-Warehouse-Architektur

Data Marts sind kleinere Datenpools mit einem hohen Grad an Anwendungsorientierung, die gewöhnlich für einen spezifizierten Benutzerkreis bzw. für eine Aufgabe aufgebaut werden (Abbildung 2). Ihre Daten werden in aller Regel aus dem C-DWH extrahiert. Auf die Phase der Datenbereitstellung folgt ein systematischer, integrierter Analyseprozess, der darauf ausgerichtet ist, (unbekannte) Beziehungsmuster im Datenbestand des DWH bzw. der Data Marts zu eruieren und durch logische oder funktionale Beziehungszusammenhänge abzubilden (BAUER UND GUNZEL, 2004; KEMPER et al., 2004; WIKIPEDIA, 2005b), das sog. Data Mining (WIKIPEDIA, 2005a). Je nach Aufgabenstellung wird dazu auf statistische Verfahren, künstliche Intelligenz, maschinelles Lernen oder klassische Mustererkennung zurückgegriffen. Die darauf folgende Phase beschäftigt sich mit der Kommunikation der Erkenntnisse und der Integration in das Wissensmanagement (Abbildung 1). Die gewonnenen Erkenntnisse sollten verteilt und genutzt werden, um Maßnahmen und Entscheidungen zu stützen sowie das generierte Wissen in Aktionen umzusetzen. Für den Zugriff auf die vielfältigen steuerungsrelevanten Informationen sind

komfortable Benutzerschnittstellen erforderlich. Dieser beschriebene IT-basierte Lösungsansatz zur Datenverarbeitung fand Anwendung bei der Bearbeitung der Projektschwerpunkte.

3 Ergebnisse und Diskussion

3.1 Entwicklung eines alternativen Datenerfassungsverfahrens für Melkbarkeitsdaten

Insbesondere aufgrund der sich verändernden Finanzierungsmöglichkeiten in der Milchzucht und der verstärkten Konzentration auf die „Funktionalen Merkmale“, zu denen u.a. auch der Komplex Melkbarkeit zählt, waren Überlegungen zur Generierung eines automatischen Datenerfassungsverfahrens bezüglich der Melkbarkeitsprüfung unter Zuhilfenahme stationärer Milchmengenmessgeräte sowie deren Technikanbindung vordergründiges Anliegen des Projektes. Wegen dessen Verbreitung in Sachsen wurde zu diesem Zweck zunächst die Zusammenarbeit mit dem Melktechnikhersteller DeLaval gesucht und darauf beschränkt. Der Darstellung von Lösungsansätzen zur Entwicklung und Anwendung eines automatisierten Datenerfassungs- und Datenverarbeitungsverfahrens bezüglich Melkbarkeitsdaten soll ein kurzer Literaturüberblick zu dieser Thematik vorangehen.

Melkbarkeit im Literaturüberblick

Unter Melkbarkeit versteht man im Allgemeinen die Veranlagung einer Kuh, die Milch bei ordnungsgemäßem Melken schnell, gleichmäßig und vollständig abzugeben. Als Einflussfaktoren auf die Melkbarkeit gelten insbesondere morphologische Parameter wie Zitzenlänge, Zitzendurchmesser bzw. -umfang, Wandstärke, Zitzenform und Kuppenformausbildung sowie die Ausprägung des Strichkanals in seiner Länge, Breite und Form (GEIDEL UND GRAFF, 2001). Weiterhin sind die Stärke des Leerungsreflexes (Melkbereitschaft), die Gemelksmenge, das Laktationsstadium, die Laktationsnummer, das Milchmengenmessgerät sowie melktechnische Faktoren (v.a. Vakuum, Pulsfrequenz und -verhältnis) als wesentliche Einflussfaktoren auf die Melkbarkeit zu benennen. Die quantitative Verfügbarkeit von Daten sowie die Datensicherheit bezüglich der den Melkprozess bzw. die Melkbarkeit beschreibenden Parameter hängen einerseits von tierseitigen Faktoren und andererseits von technischen und menschlichen Einflüssen ab.

Die Präzision der Bewertung der Melkbarkeit hängt im Wesentlichen von den in der Praxis verfügbaren Methoden des Datengewinns ab. Diese reichen von einer rein subjektiven Beurteilung der Melkbarkeit über eine Mengen- und Zeitbestimmung mittels verschiedener Messgeräte bis zur exakten Bestimmung des kontinuierlichen Verlaufs des Milchflusses (DUDA, 1995; VIT, 2004). Zur Bewertung der Melkbarkeit hat sich in Deutschland das durchschnittliche Minutengemelk (DMG) durchgesetzt (DUDA, 1995), der Quotient aus der Melkdauer und der Gemelksmenge. DUDA (1995) kritisiert, dass die Kenngröße DMG kaum Aussagen zum Milchabgabeverhalten liefern kann, da die Struktur der einzelnen Gemelksphasen nur unzureichend Berücksichtigung findet. Mit der Verwendung des DMG werden Unzulänglichkeiten bei der routinemäßigen Erfas-

sung der Melkdauer in Kauf genommen, die möglicherweise die vorhandenen Zusammenhänge von Milchfluss und Eutergesundheit überdecken. Aufgrund des Zusammenhangs zwischen Melkbarkeit und Eutergesundheit bzw. Arbeitswirtschaft ist die Melkbarkeit als Merkmalskomplex zu betrachten, der nur durch mehrere Kenngrößen ausreichend erfasst werden kann, zumal die Verwendung des DMG bisher nur wenig zur züchterischen Verbesserung der Eutergesundheit beigetragen hat (DUDA, 1995). Mittels des Milchmengenmessgerätes LactoCorder® können Milchflusskurven erstellt und damit detaillierte Informationen über das Milchabgabeverhalten von Kühen gewonnen werden. Wichtige Kenngrößen, die sich aus dem Milchfluss ergeben und geeignet sind die Melkbarkeit zu charakterisieren, sind der höchste Milchfluss, die Dauer der Plateauphase, die Dauer der Abstiegsphase, die Dauer der Hauptgemelksphase und die Nachgemelksmenge (GÖFT et al., 1994). Der Einsatz des LactoCorder® hat sich allerdings wegen des Kosten- und Arbeitsaufwandes in der Praxis nicht durchsetzen können.

Die züchterische sowie ökonomische Bedeutung der Beschaffenheit des Euters und der Melkbarkeit ergibt sich aus deren Beziehung zu arbeitswirtschaftlichen Aspekten sowie der Eutergesundheit. Kühe mit größerem Strichkanaldurchmesser und schwachem Zitzenschließmuskel können zwar aus arbeitswirtschaftlicher Hinsicht den Durchsatz am Melkstand erhöhen helfen, zugleich wird jedoch auch das Eindringen von Mastitiserregern erleichtert und damit das Infektionsrisiko erhöht. Hohe Spitzenmilchflussraten bedeuten aufgrund des damit verbundenen größeren Strichkanaldurchmessers ein deutlich erhöhtes Risiko für Euterentzündungen (GRINDAL und HILLERTON 1991; GÖFT et al., 1994; GULYAS und IVANCSICS, 2001). Schwer melkende Kühe hingegen sind infolge der Belastung des Eutergewebes einer möglichen Schädigung von Schleimhaut und Schließmuskel ausgesetzt, was ebenso die Mastitisanfälligkeit steigert. Gleiche Auswirkungen sind bei einer unausgeglichene Viertelgemelksabgabe zu erwarten, insbesondere wenn zum Ende des Melkprozesses einzelne Viertel bereits blindgemolken werden. Bei einer derartigen Milchabgabe fördern vermehrt auftretende Lufteinbrüche zusätzlich die Übertragung von Erregern zwischen den Vierteln des Euters (DUDA, 1995). Untersuchungen von PERES-GUZMAN et al. (1986) ergaben, dass sowohl positive als auch negative Abweichungen des DMG vom Mittelwert mit einer Verschlechterung der Eutergesundheit einhergehen, wodurch die beschriebenen physiologischen Zusammenhänge Bestätigung finden. Schlussfolgernd daraus gibt es einen hinsichtlich der Eutergesundheit optimalen mittleren Milchflussbereich, den GÖFT (1991) sowie GULYAS und IVANCSICS (2001) für den Parameter DMG mit 2,00 kg/min bis 4,00 kg/min angeben. Bezüglich des Kennwertes HMF geben GÖFT et al. (1994) eine Zielgröße von 3,00 kg/min bis 4,5 kg/min an. Weiterhin gilt ein kastenförmiger Verlauf der Milchflusskurve als idealtypisch, welcher gekennzeichnet ist durch einen raschen Anstieg, ein konstantes Plateau ohne extrem hohes Maximum sowie durch eine dichte Aufeinanderfolge des Milchflusses der einzelnen Euterviertel.

Zur Erzielung eines Zuchtfortschrittes bezüglich eines Merkmals ist neben der Kenntnis und Berücksichtigung von Merkmalsbeziehungen sowohl eine ausreichend hohe Erblichkeit des betreffenden Merkmals als auch eine genügend hohe genetische Varianz erforderlich. Die beiden letzteren Faktoren variieren in Abhängigkeit der wirkenden systematischen Einflüsse. Brade (2005) gibt für das Merkmal DMG eine Heritabilität von $h^2 = 0,28$ an, MÜLLER et al. (1997) schätzen die Erblichkeit des Parameters absolutes durchschnittliches Minutengemelk (ADMG) auf $h^2 = 0,09 - 0,15$ und DUDA (1995) die des HMF auf $h^2 = 0,49$. Die Erblichkeit der Melkbarkeitsparameter liegt somit im unteren bis mittleren Bereich. Zudem weisen PEREZ-GUZMAN et al. (1986) auf eine genügend hohe genetische Varianz hin, so dass eine züchterische Einflussnahme gegeben ist. Die Korrelation zwischen durchschnittlichem Minutengemelk und höchstem Milchfluss wird von GÖFT et al. (1994) mit einem Wert von $r = 0,78$ angegeben. In der Literatur ist mehrfach die Aussage zu finden, dass der durchschnittliche sowie der höchste Milchfluss und die Melkdauer, die in engem Zusammenhang zur Milchleistung stehen, im Verlauf der Laktation sinken, im Mittel mit der Laktationsnummer allerdings deutlich ansteigen.

Zuchtwertschätzung Melkbarkeit

In der Holstein-Zucht wird seit August 2004 durch den VIT zweimal jährlich (Februar und August) eine Zuchtwertschätzung Melkbarkeit im Rahmen der Nachkommenschaftsprüfung durchgeführt, welche in Sachsen derzeit nach der ADR-Empfehlung 3.3 durchgeführt wird (ADR, 1987) und bislang auf Messungen des durchschnittlichen Minutengemelks (DMG) in der ersten Laktation (50. – 180. Laktationstag) basiert (VIT, 2004). Zukünftig wird der Prüfzeitraum für die Melkbarkeitsprüfung der Nachkommen wahrscheinlich auf den Zeitraum vom 15. bis 250. Laktationstag ausgedehnt werden. Zur Prüfung wird das Melken in betriebsüblicher Weise durch das gewohnte Personal mit der betriebseigenen Melkanlage vollzogen. Durch die mit der Durchführung der Leistungsprüfung beauftragten Stelle (LKV) wird die Dauer des Milchflusses mittels einer Additionsstoppuhr (1/100 min.) mit zwei Dezimalstellen sowie die Gesamtgemelksmenge festgestellt. Die Melkdauer umfasst dabei jeweils den Zeitraum vom Zeitpunkt, an dem alle vier Melkbecher angesetzt sind bis zur Unterbrechung der Vakuumzufuhr. Die Melkbarkeit wird als absolutes durchschnittliches Minutengemelk (ADMG) aus der Maschinengemelksmenge und der Dauer des Milchflusses ermittelt, welches mittels geeigneter Regressionskoeffizienten auf den 100. Laktationstag zu standardisieren ist. Die im Rahmen der Melkbarkeitsprüfung ermittelten Daten sind Grundlage für die Zuchtwertschätzung. Ergebnisse, die aus einer Gemelksmenge von weniger als 5 kg resultieren, bleiben unausgewertet und unveröffentlicht und Prüfungen mit Nachgemelksmengen von mehr als 300 ccm sind ungültig. Der Melkbarkeitszuchtwert, der bislang nicht in den Gesamtzuchtwert (RZG) einfließt, wird als Relativzuchtwert Melkbarkeit (RZD) ausgewiesen. Im Jahr 2005 erfolgten in 179 sächsischen Betrieben insgesamt 1.113 Melkbarkeitsprüfungen im Rahmen der Nachkommenprüfung.

Technisch und methodische Lösungsansätze

Wesentlicher Arbeitsschwerpunkt des Projektes war die Erarbeitung von technischen und methodischen Lösungsansätzen zur Anwendung eines alternativen, automatisierten Verfahrens der Gewinnung von Melkbarkeitsdaten zur derzeitigen arbeits- und kostenintensiven Methodik. Bei einem solchen zu generierenden automatisierten Datenerfassungsverfahren sind die in der Software zum melktechnischen System (bei DeLaval ALPRO® Windows) abgespeicherten Daten des Melkprozesses zunächst mittels einer auf dem PC befindlichen Requestdatei und der Kommunikationskomponente trans.lkv.net des Sächsischen Landeskontrollverbandes e.V. (LKV) automatisch und zeitnah abzurufen und in eine zentrale Datenbank des LKV zu transferieren. trans.lkv.net ist ein ausbaufähiges Verfahren zum automatischen Datentransfer, welches alle gängigen Datenaustauschformate in der Landwirtschaft (ADIS/ADED und Kartenarten) unterstützt und dem Milcherzeuger einen schnellen und präzisen Informationsaustausch mit dem LKV ermöglicht. Die transferierten Daten sind im Anschluss einem Datenaufbereitungsverfahren, bestehend aus einer Datenbereinigung sowie einer Korrektur der ermittelten Melkbarkeitsdaten infolge der notwendigen Berücksichtigung von Faktoren, welche auf die Melkprozessparameter einwirken, zu unterziehen. Von der technologischen Seite her, d.h. der Datenbereitstellung und dem Datentransfer, steht der Anwendung dieses Verfahrens nichts entgegen. Die Funktionalität dieses dem Datenaufbereitungsverfahren vorgelagerten Prozesses kann als gesichert und fehlerfrei betrachtet werden, da bereits im Vorfeld des Projektes durch den LKV sieben Testbetriebe ausgewählt und eingerichtet wurden, um anhand der in den betreffenden Betrieben erzeugten und anschließend dem LKV bereitgestellten Daten zum Melkprozess Nutzungsstrategien für diese entwickeln zu können. Bei der Methodik der Datenaufbereitung hingegen ist die Entwicklungsarbeit nicht abgeschlossen.

Die Analysen im Rahmen des Projektes anhand von vier Testbetrieben (von sieben eingerichteten Betrieben) haben die Notwendigkeit eines geeigneten Datenaufbereitungsverfahrens bestehend aus der Datenbereinigung sowie einer Korrektur der ermittelten Melkbarkeitsdaten infolge der erforderlichen Berücksichtigung von auf die Melkprozessparameter einwirkenden Faktoren gezeigt, um repräsentative und präzise Daten zur Melkbarkeit des Einzeltiers als Datengrundlage für die Zuchtwertschätzung Melkbarkeit liefern zu können.

Tabelle 1 zeigt die Einstellungen des Melkprozessors hinsichtlich der Schwellenwerte bzw. Schaltzeiten u.a. im Melkprozess sowie die melktechnische Ausstattung der vier Testbetriebe. Die Testbetriebe haben für den Parameter Melkzeit alle die Einstellung ISO-Standard im Melkprozessor vorgenommen, was sich in den berechneten durchschnittlichen Minutengemelken niederschlägt. Deren Wertung ist zu beachten, weil die jeweils erfasste Melkdauer aufgrund dieser Einstellung weder derjenigen vom Start des Melkvorgangs bis zum Ende des maschinellen Melkvorgangs noch der definierten Melkdauer nach ADR-Empfehlung 3.3 für die Durchführung von Melkbarkeitsprüfungen entspricht.

Tabelle 1: Melktechnische Ausstattung und Einstellungen des Melkprozessors bei den Testbetrieben

Parameter	Einheit	Betrieb			
		A	B	C	D
Melkstand		KMS (24 Plätze)	KMS (22 Plätze)	KMS (32 Plätze)	2xFGM (24 Plätze)
Milchmengenmessgerät		MM15	MM25	MM15	MM15
Melkfrequenz		3	2	2	3
Version ALPRO® Prozessor		6.40SP1	6.31	6.30	6.30
MELKZEIT		ISO-Standard	ISO-Standard	ISO-Standard	ISO-Standard
AUTOM. ABNAHM.		Alfa Dast	Alfa Dast	ACR 5000	ALFA DAST
MILCH SWEE		NEIN	JA	JA	JA
MU200D		JA	NEIN	JA	JA
Milchfluss hoch					
PULSZAHL		60	60	60	60
PULSVERHÄLTNIS		65/35	65/35	65/35	65/35
Milchfluss niedrig					
PULSZAHL		50	50	50	50
PULSVERHÄLTNIS		30/70	30/70	30/70	30/70
AUTO MELKVAKUUM		NEIN	NEIN	NEIN	NEIN
MAX. VORMELKZEIT	s	180	100	120	150
ERZW. VAKUUMZEIT	s	30	30	30	30
NACHMELKZEIT	s	20	20	30	20
ABNAHMEVERZÖGERUNG	s	3,5	8,0	3,5	3,5
SWEEP VERZÖG.	s	2,0	3,0	2,0	2,0
SWEEP DAUER	s	1,0	1,0	1,0	1,0
VORMELK LIMIT	kg/min	0,2	0,2	0,2	0,2
ABNAHME LIMIT	kg/min	0,2	0,2	0,2	0,2
VAKUUM EIN VERZÖG.	s	0,0	0,0	0,0	0,0
AUTO MELKVAKUUM	s	60	60	60	60
STRIP ZEIT 1	s	15	30	30	30
STRIP ZEIT 2	s	10	15	15	15
STRIP ZEIT 3	s	11	5	5	5
STRIP LIMIT	kg/min	0,8	0,8	0,5	0,5
BACKFLUSH AKTIV		JA	NEIN	NEIN	NEIN

BACKFLUSH VERZÖG.	s	5	0	0	0
BACKFLUSH DAUER	s	60	0	0	0
PULSIERUNG BEI ABNAHME		JA	JA	JA	JA
EINGABE MILCHM.		NEIN	NEIN	NEIN	NEIN
ELEKTR. DUOVAC		Aus	Aus	AUS	AUS
PULSATORTYP		EP100	EP100	EP100	EP100
MELKVAK. VERZÖG.	s	5	5	5	5

Die nachfolgende Tabelle zeigt eine Gegenüberstellung der durch einen Mitarbeiter des LKV erfassten Werte und der in ALPRO® Windows zu dem jeweiligen Prüftier und -gemelk ausgewiesenen Werte. Daraus geht hervor, dass sich die Differenzen im durchschnittlichen Milchfluss im Bereich von 0,16 kg/min bis zu 1,00 kg/min durch abweichende Ergebnisse in der Melkdauer ergaben. Die aus ALPRO® Windows ausgelesene Melkdauer war bei den hier betrachteten Prüftieren stets geringer als die mittels der herkömmlichen Melkbarkeitsprüfung ermittelte Melkdauer, so dass für den aus den Parametern Milchmenge und Melkdauer berechneten durchschnittlichen Milchfluss durch den Mitarbeiter des LKV ein geringerer Wert ausgewiesen wurde als durch die automatisierte Datenerfassung. Das DMG wird gleichbedeutend in dieser Arbeit auch als durchschnittlicher Milchfluss bezeichnet.

Tabelle 2: Gegenüberstellung von Prüfergebnissen zum durchschnittlichen Milchfluss in einem sächsischen Betrieb nach herkömmlicher Melkbarkeitsprüfung und aus der automatisierten Datenerfassung

Gemelksmenge		Melkdauer		DMG		Differenz DMG
Prüfung LKV	Daten aus ALPRO® Windows	Prüfung LKV	Daten aus ALPRO® Windows	Prüfung LKV	Daten aus ALPRO® Windows	
11,6	11,6	7,24	6,07	1,57	1,90	0,33
12,2	12,2	5,21	3,59	2,28	3,06	0,78
14,1	14,2	9,14	7,58	1,53	1,78	0,25
9,5	9,6	9,19	8,03	1,02	1,19	0,17
11,9	11,9	4,46	3,24	2,50	3,50	1,00
10,2	10,2	5,06	3,52	2,00	2,64	0,64
9,3	9,3	4,36	4,16	2,02	2,18	0,16

Ursache der aufgezeigten Differenzen in der Melkdauer und damit auch im durchschnittlichen Milchfluss ist vordergründig die vom betrachteten Betrieb bezüglich des Parameters Melkzeit im Melkprozessor eingestellten sog. ISO-Standardzeit (alternativ: Maschinenmelkzeit). Bei der ISO-Standardzeit wird die Melkdauer vom Zeitpunkt des Überschreitens eines im Melkprozessor hinterlegten Milchflusses zu Beginn des Melkens einschließlich einer bestimmten Verzögerung

rungszeit bis zum Einsetzen des Nachmelkarms bei einem bestimmten Milchfluss bzw. dem Nachlassen des Milchflusses unter einen im Melkprozessor hinterlegten Milchfluss zum Melkende einschließlich einer bestimmten Verzögerungszeit gemessen. Die Maschinenmelkzeit zählt dagegen die Melkdauer vom Starten des Melkens bis zur Abnahme des Melkzeuges. Daher sind die Werte in Tabelle 2 nicht direkt vergleichbar, weil die mittels des melktechnischen Systems erfasste Melkdauer aufgrund dieser gewählten Einstellung in jedem Fall kürzer ist, als die bei der herkömmlichen Melkbarkeitsprüfung ermittelte Melkdauer, welche vom Zeitpunkt zu dem alle vier Melkbecher angesetzt sind bis zur Unterbrechung der Vakuumzufuhr gemessen wird.

Allerdings bleibt offen, wie sich diese Differenzen aufgrund der verschiedenen Verfahren der Datenerfassung bei der Einstellung der Melkzeit auf Maschinenmelkzeit dargestellt hätten, da dann der Einfluss des Melkers bzw. auch des Tieres in Form des Einwirkens auf die zeitliche Differenz zwischen Start des Melkens und dem Zeitpunkt, zu dem alle vier Melkbecher angesetzt sind, zum Tragen kommen würde. Weiterhin würden, wie auch bei der ISO-Standardzeit, die im Melkprozessor eingestellten Schaltschwellen und Verzögerungszeiten die Melkdauer beeinflussen. Diese Zusammenhänge verursachen Unsicherheiten hinsichtlich des Umgangs bzw. der Wertung und Nutzung der automatisch erfassten Melkbarkeitsdaten und zeigen den Einfluss der im Melkprozessor ausgewählten Einstellungen und die daraus resultierende Notwendigkeit eines geeigneten Datenaufbereitungsverfahrens unter Berücksichtigung der wirkenden Einflussfaktoren, um repräsentative Daten zur Melkbarkeit des Einzeltiers als Datengrundlage für die Zuchtwertschätzung Melkbarkeit liefern zu können.

Datenaufbereitung

Im Rahmen des Datenaufbereitungsverfahrens ist, wie in dieser Arbeit festzustellen war, zunächst die Bereinigung der Rohdaten um diejenigen Datensätze erforderlich, bei denen das DMG größer oder gleich dem maximalen Milchfluss war, ein DMG von 0 kg/min vorlag und/oder die zu einem Prüftag verfügbare Anzahl Datensätze von der betriebsüblichen Melkfrequenz abwich. Von den Rohdaten der Testbetriebe verblieben nach diesem Vorgang 82,4 % bis 98,6 % für die weitere Datenanalyse. Aus der Betrachtung der fehlerhaften Datensätze in Abhängigkeit des Melkplatzes war zu schlussfolgern, dass der Melkplatz als Einflussfaktor auf die Melkbarkeitsdaten und somit auch deren Qualität anzunehmen ist (vgl. Abb. 3).

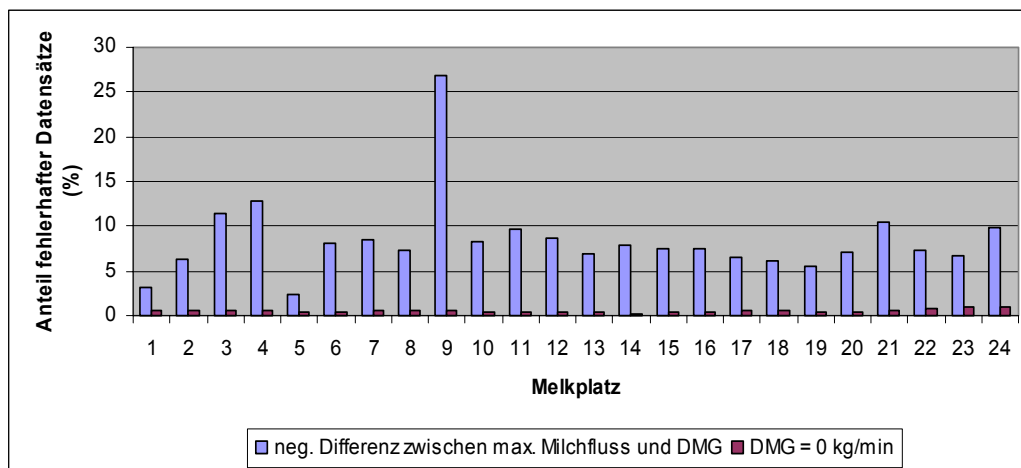


Abbildung 3: Anteil fehlerhafter Datensätze nach Melkplatz - Betrieb A

Im nächsten Schritt wurde u.a. der Verlauf der Melkprozessparameter von 40 Tieren der ersten Laktation im Verlauf des Laktationsabschnittes vom 50. bis 180. Laktationstag genauer betrachtet. Die Datensätze wurden für sämtliche Betrachtungen nach der Gemelksnummer bezogen auf den Tagesablauf sortiert, ungeachtet der Zuordnung der jeweiligen Melkzeit durch das Melksystem in Zusammenhang mit dem eingestellten Tageswechsel.

Die Mittelwerte der Parameter DMG, maximaler Milchfluss und Gemelksmenge unterschieden sich bei Tieren der ersten Laktation im Tagesverlauf meist signifikant voneinander und im Tagesverlauf war zumindest stets eine tendenzielle Verringerung der Mittelwerte festzustellen. Die Betrachtung des täglichen durchschnittlichen Milchflusses, d.h. des Quotienten aus der Gesamtmilchmenge und der Gesamtmelkdauer eines Tages, ergab Mittelwerte von 2,15 kg/min bis 2,59 kg/min bei Standardabweichungen im Bereich von 0,53 kg/min bis 0,69 kg/min. Der durchschnittliche Milchfluss stand bei den betrachteten Tieren der ersten Laktation in einem statistisch gesicherten Zusammenhang sowohl zum maximalen Milchfluss als auch zur Gemelksmenge. Die Gemelksmenge stand in einer signifikant positiven Beziehung zum DMG ($r = 0,24$ bis $0,51$; $p < 0,001$) und der durchschnittliche Milchfluss korrelierte wiederum positiv mit dem maximalen Milchfluss ($r = 0,79$ bis $0,93$; $p < 0,001$). Bei der Betrachtung der Melkprozessparameter zu den einzelnen Melkzeiten fiel eine ausgeprägte Dynamik insbesondere des Parameters Melkdauer und somit auch des DMG auf, wie in Abb. 4 beispielhaft deutlich wird.

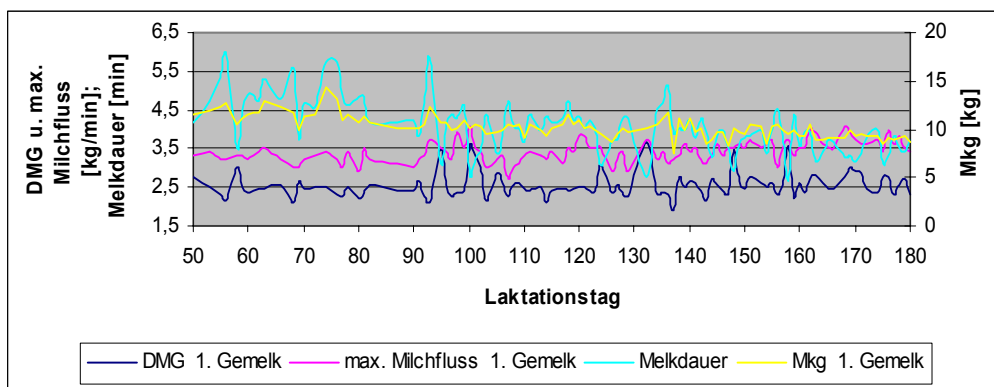


Abbildung 4: Verlauf der Melkprozessparameter der ersten Melkzeit vom 50.-180. Laktationstag - Betrieb A (Stallnr.: 560)

Als ursächliche Faktoren, die diese Kurvenausschläge bewirken können, werden neben den durch das Tier verursachten physiologischen Schwankungen vorwiegend die Anwendung der Handschaltung, also die durch den Melker für das Einzeltier individuell wählbare Ausschaltung der automatischen Melkzeugabnahme in Abhängigkeit des Milchflusses (und der Zeit) sowie das mehrfache Ansetzen der Melkbecher in einer Melkzeit bzw. der daraus resultierende mehrfach registrierte „kick-off“ infolge unvollständiger Entleerung des Euters angesehen. Die Datenbereinigung ist künftig zu intensivieren, indem aufgrund dieser demnächst verfügbaren Informationen (Handschaltung ab ALPRO® Windows Version 6.50; kick-off ab ALPRO® Windows Version 6.30) zusätzlich diejenigen Datensätze verworfen werden, die aus Melkzeiten resultieren, bei denen die Abschaltung der automatischen Melkzeugabnahme angewandt und/oder mehrfach ein kick-off registriert wurde. Weiterhin sollten neben dem Tiergesundheitsstatus die Veränderung bzw. definierte Grenzwerte von Melkprozessparametern (Ausreißerregelungen) intensiver in die Datenbereinigung einfließen.

Der maximale Milchfluss zeigte gegenüber dem DMG zumeist deutlich weniger starke Schwankungen im Verlauf des Beobachtungszeitraums (vgl. Abb. 4), so dass anzunehmen ist, dass dieser Parameter weniger störungsanfällig ist bzw. weniger Einflussfaktoren ausgesetzt ist und somit eine vergleichsweise hohe Datensicherheit in sich zu bergen scheint. Daher ist zu überlegen, ob dieser Parameter zukünftig im Rahmen der Melkbarkeitsprüfung erfasst und als Datengrundlage zur Zuchtwertschätzung Melkbarkeit herangezogen werden soll, zumal die alleinige Charakterisierung der Melkbarkeit anhand des DMG kritisch zu betrachten ist.

Die in Abbildung 5 beispielhaft dargestellte Gegenüberstellung der ermittelten durchschnittlichen Minutengemelke der einzelnen Melkzeiten eines Tages sowie des Tageswertes des DMG (Quotient aus Gesamtmilchmenge und gesamter Melkdauer eines Tages) verdeutlicht den tendenziell nachlassenden Milchfluss im Tagesverlauf, der sich häufig noch wesentlich intensiver

zeigte. Weiterhin zeigt Abbildung 5, dass der Tageswert des DMG gegenüber dem DMG der einzelnen Melkzeiten deutlich weniger Schwankungen aufweist. Schlussfolgernd daraus ist festzuhalten, dass zur Gewährleistung der Datensicherheit und der Vergleichbarkeit der Ergebnisse unter den Einzeltieren die automatisierte Erfassung von Melkbarkeitsdaten auf dem Tageswert des DMG basieren sollte bzw. eine zu prüfende Melkzeit in Abhängigkeit des Tagesablaufes (unabhängig vom betriebsindividuellen Tageswechsel des Melkprozessors) festzulegen ist.

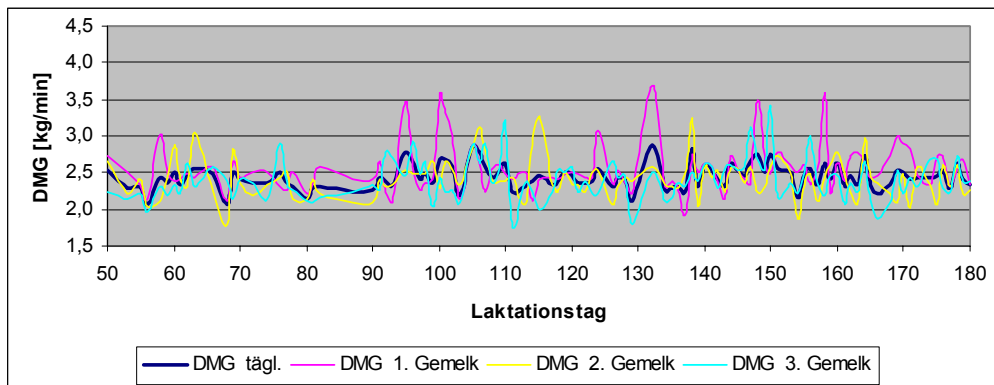


Abbildung 5: Gegenüberstellung des DMG der Melkzeiten und des Tageswertes vom 50.-180. Laktationstag - Betrieb A (Stallnr.: 560)

An die Datenbereinigung muss sich das noch zu generierende Datenaufbereitungsverfahren in Form der Verrechnung der ermittelten Werte zum DMG mit erforderlichen Korrekturfaktoren anschließen, welche aus den auf diese Kenngröße einwirkenden Einflussfaktoren resultieren. Als zu berücksichtigende Einflussfaktoren gelten neben den in der Literatur benannten Parametern Laktationsstadium und Gemelksmenge auch Parameter wie die Melkfrequenz, die Melkzeit, der Melkplatz und der Melker. Weiterhin ist davon auszugehen, dass das melktechnische System einen Einfluss auf das DMG hat. Zu den relevanten Parametern des melktechnischen Systems zählen sowohl das Milchmengenmessgerät als auch die Automatisierung des Melksystems (Stimulation, Nachmelk-, Abnahmeautomatik), der Melkstand und die im Melkprozessor hinterlegten Einstellungen zur Melkzeit (ISO-Standard oder Maschinenmelkzeit) sowie zu Schwellen und Verzögerungszeiten (vgl. Tabelle 1). Diese müssten z.B. in Zusammenhang mit der jährlichen Überprüfung der Milchmengenmessgeräte regelmäßig geprüft und ggf. aktualisiert werden.

Fazit

Gegenwärtig erscheint bezüglich der im Melkprozessor hinterlegten Einstellung des Parameters Melkzeit die Auswahl der sog. ISO-Standardzeit als zweckmäßig, auch wenn die Messpunkte zur Bestimmung der Melkdauer nicht denen der ADR-Empfehlung 3.3 entsprechen und somit Differenzen zu den Ergebnissen der herkömmlichen Melkbarkeitsprüfung entstehen. Nur mit der

ISO-Standardzeit lässt sich ein Fehler in der Melkdauer, infolge einer Zeitdifferenz zwischen dem Start des Melkvorgangs und dem Zeitpunkt zu dem alle Melkbecher angesetzt sind, verhindern, welcher durch den Melker bzw. das Verhalten des Tieres bewirkt wird. Um in naher Zukunft die zwingend erforderlichen, detaillierten Untersuchungen zur Wirkung der benannten Parameter vornehmen zu können, war die Einrichtung des täglich automatischen Abrufs von Melkprozessdaten in weiteren Betrieben erforderlich, da dies u.a. bezüglich der Daten zum melktechnischen System eine gewisse Streuung in der Datengrundlage schafft. Im zeitlichen Rahmen des Projekts konnten sechs Betriebe hinzugewonnen werden (aktuell insgesamt 13 Betriebe), wodurch letztendlich auch die Intensität der zukünftigen Nutzung dieses Prüfverfahrens sowie die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung gesteigert wird. Allerdings gestaltete sich die Auswahl dieser Betriebe recht schwierig, aufgrund der an die Funktionalität des automatischen Datenerfassungsverfahrens geknüpften technischen Voraussetzungen, die von den Betrieben zwingend zu erfüllen waren. Technische Voraussetzungen sind:

- Melktechnik von DeLaval + Version ALPRO® Prozessor mind. 6.30
- elektronische Tiererkennung
- Betriebssystem Windows xp
- trans.lkv.net
- MLP-Betrieb

Der Prüfumfang der künftig mittels dieser Methode zu bearbeitenden Melkbarkeitsprüfungen ist als relativ gering einzuschätzen, sofern die Methode nicht auch bei Melktechnik anderer Hersteller realisiert werden kann. Dazu wäre allerdings eine Schnittstelle sowie eine Präzisierung bzw. Standardisierung der Definition der Messpunkte der Melkdauer notwendig.

3.2 Modellentwicklung für ein Monitoring-System

Die Erarbeitung von Grundlagen bezüglich des Aufbaus und Inhaltes eines Monitoring-Systems war ebenso Anliegen dieses Projektes. Dieses soll künftig zum Zwecke der Teilautomatisierung des Beratungswesens bzw. der Bereitstellung einer Entscheidungshilfe für das betriebliche Management als entscheidungsunterstützendes System fungieren, basierend auf den Informationen der verschiedenen Datenhaltungen der Milchproduktion. Das „MTR-Monitoring“ soll dem Milcherzeuger zeitnahe, aussagefähige, übersichtliche und dennoch ausreichend detaillierte Auswertungen zu relevanten Produktionskennzahlen der Bereiche „Milch & Melkprozess“, „Tiergesundheit“ und „Reproduktion“ auf Herdenebene einschließlich deren Interpretation liefern, welche für den Nutzer über einen dafür eingerichteten Webservice abrufbar sind und der Entscheidungsfindung, der Ursachenforschung bzw. der Erfolgskontrolle dienen. Weiterhin soll dieses System der Effizienzsteigerung des Beratungswesens und als Arbeitsgrundlage für das Beratungswesen dienen.

Prinzipiell sollte das Monitoring-System derart gestaltet sein, dass die in einer zentralen Datenbank des LKV zusammengeführten, adäquat ausgewählten Daten des LKV (MLP, Rohmilch-Güteprüfung) sowie des Melkprozessors bzw. der daran gekoppelten Software auf dem PC des

Milcherzeugers und des Herdenmanagementsystems, den Anforderungen der Nutzer entsprechend (teil)automatisch aufbereitet, verdichtet und analysiert werden und die daraus resultierenden Informationen dem Nutzer bereitgestellt werden. Mittels einer farbigen Visualisierung in Form eines Ampelsystems bzw. der Ausgabe eines Indexes zu den einzelnen untersuchten Produktionskennzahlen soll eine übersichtliche Statusbewertung realisiert werden, welche zugleich einen ggf. erforderlichen Handlungsbedarf symbolisiert. Abbildung 6 zeigt, wie dies dem Nutzer des Systems mittels eines Webservices beispielsweise dargestellt werden könnte.

Darüber hinaus sollen monatlich detaillierte Auswertungen in grafischer und tabellarischer Form dem Milchproduzenten bzw. Berater Schwachstellen offen legen und somit der Ursachenforschung dienen. Das System soll also über mehrere Ebenen der Analyseintensität verfügen. Weiterhin sollte dieses System flexibel und ausbaufähig sein, künftig sollte ein Betriebsvergleich zur Möglichkeit der Positionierung des Nutzers gegenüber anderen Nutzern integriert werden.

Weil sich die benannten Auswertungen jedoch zumeist auf einen abgeschlossenen zurückliegenden Zeitraum, meist den vergangenen Monat, beziehen und daher keine Aussage zum Momentanzustand liefern, sollen zusätzlich Meldungen per E-Mail, SMS o.ä. erfolgen, sobald aktuelle Prüfergebnisse zu den betrachteten Parametern eines Analysekomplexes vorhanden sind und diese von bestimmten Zielwerten abweichen. Dies dient der zeitnahen Einleitung entgegenwirkender Maßnahmen. Die erzeugten Meldungen sollen zusätzlich im Webservice abgelegt werden (vgl. Abbildung 6). Der Milcherzeuger kann die Empfänger dieser Meldungen sowie die Grenzwerte für verschiedene Parameter, in dessen Folge bei Abweichungen eine entsprechende Meldung erzeugt wird, in einem sog. Betriebsdatenformular festlegen und jederzeit ändern. Für die Auswahl der Grenzwerte werden dem Milcherzeuger Werte vorgeschlagen. In diesem Betriebsdatenformular hinterlegt der Milcherzeuger darüber hinaus auch Informationen zur Fütterung, zur Haltung, zum Melken und zur Melktechnik sowie sonstige allgemeine Angaben, welche dem Berater einen Einblick ins Management erlauben und der Interpretation der Auswertungsergebnisse dienlich sind.

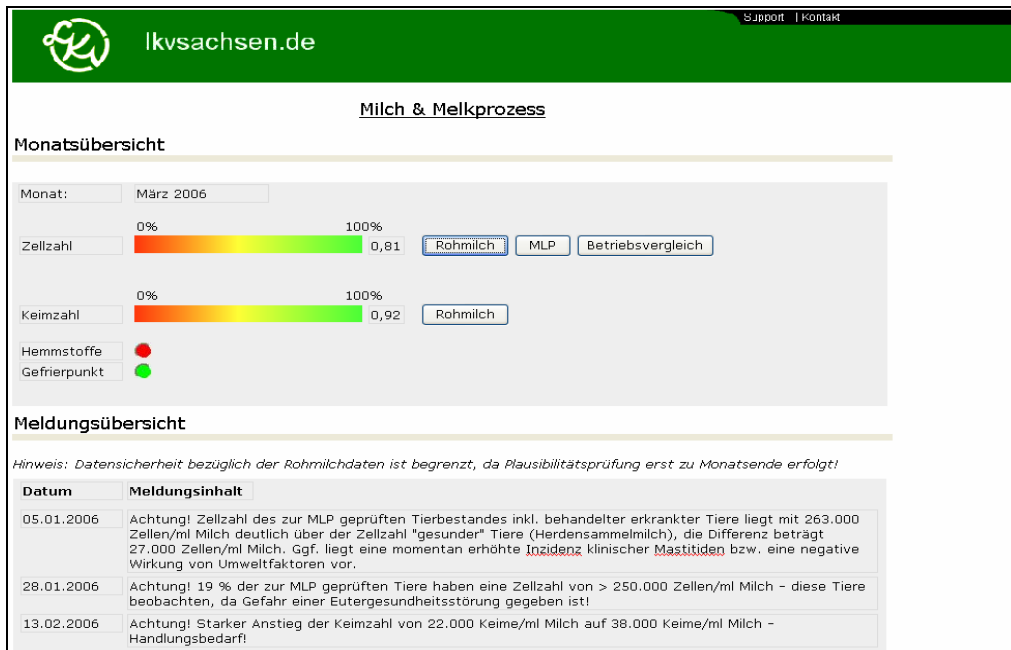


Abbildung 6: Entwurf der Webserviceseite - Übersicht zum Modul "Milch & Melkprozess"

Die einzeln vom Nutzer wählbaren Module sollten u.a. nachfolgend aufgeführte Komplexe umfassen:

Milch & Melkprozess

- Milchleistung/Persistenz
- Keimzahl
- Gefrierpunkt
- Hemmstoffe
- Eutergesundheit (Zellzahl/Laktosegehalt)
- Melkplatzfunktionalität

Tiergesundheit

- Milchinhaltsstoffe
- Erkrankungen
- Abgang
- Nutzungsdauer

Reproduktion

- Fruchtbarkeit
- Aufzucht

I

m Rahmen des Projektes konnten aufgrund der verfügbaren Datenbasis lediglich einige Inhalte des Moduls „Milch & Melkprozess“ bearbeitet werden, welche auf den aus der MLP und Rohmilch-Güteprüfung gewonnenen Daten basieren. Zur umfassenden Anwendbarkeit aller Module des MTR-Monitoring ist weitere Entwicklungsarbeit, insbesondere hinsichtlich des Datengewinns bzw. Datentransfers aus dem Herdenmanagement des Milchproduzenten und deren Aufbereitung sowie der Anwendung von Datenaufbereitungsverfahren für Melkprozessdaten, erforderlich. Eine künftige Nutzung von Informationen aus dem Herdenmanagementsystem wird zumindest vorerst auf „HerdeW“ beschränkt sein, ebenso wie ein Informationsgewinn zu Melkprozessdaten derzeit lediglich bei Melktechnik der Firma DeLaval bei Erfüllung bestimmter Voraussetzungen möglich ist. Mittels eines Probelaufs des im Detail noch zu generierenden MTR-Monitoring bei den am Testherdensystem teilnehmenden Betrieben soll die Funktionalität dieses Systems erprobt, dessen ggf. erforderlicher Optimierungsbedarf festgestellt und die Nachfrage nach solch einem Überwachungssystem geprüft werden.

Nachfolgend soll beispielhaft die inhaltliche Gestaltung des Monitoring-Systems des Komplexes Eutergesundheit sowie der Prozess der Datenverarbeitung zur Darstellung der Parameter in Form eines Ampelsystems bzw. eines Indexes kurz erläutert werden.

Monitoring-System des Komplexes Eutergesundheit

Eutererkrankungen sind in der modernen Milchrinderhaltung ein Krankheitskomplex, welcher infolge von Milchminderleistungen, der Nichtverwertbarkeit der Milch erkrankter/behandelter Tiere, der Veränderung der Milchzusammensetzung, Medikamenten- und Tierarztkosten, einer Beeinträchtigung der Nutzungsdauer, eines erhöhten Arbeitsaufwandes sowie schlechterer Fruchtbarkeitsleistungen empfindliche finanzielle Einbußen verursacht (DUDA, 1996; BRADE, 2001; JAHNKE, 2004b). Wegen des weitaus häufigeren Auftretens subklinischer Mastitiden sind in diesem Zusammenhang insbesondere diese bedeutsam.

Der **somatische Zellgehalt** fungiert bekanntlich nicht nur als Qualitätskriterium der Milch, sondern auch als Indikator der Eutergesundheit, so dass die anfallenden MLP-Daten und Ergebnisse der Rohmilch-Güteprüfung wertvolle Informationen zum Status der Eutergesundheit einer Milchviehherde liefern. Die kontinuierliche Erfassung von den Labordaten zur MLP und Rohmilch-Güteprüfung in einer Datenbank im LKV ist gewährleistet. Anhand dieses verfügbaren Datenpools wurden die in Tabelle aufgeführten relevanten Prüfkriterien zur Auswertung der Zellzahl der MLP bzw. der Herdensammelmilch ausgewählt.

Tabelle 3: Prüfkriterium zum Parameter Zellzahl

Kategorie	Prüfkriterium	
	Nr.	Beschreibung
Zellzahlindex-Herdensammelmilch	1	mittlere Zellzahl der Herdensammelmilch
	2	Schwankung der Zellzahl der Herdensammelmilch
Zellzahlindex-MLP	1	gewichtete Zellzahl der zur MLP geprüften Tiere
	2	Verteilung der MLP-Kontrollergebnisse nach Zellzahlklassen (drei Zellzahlklassen)

Zur Beurteilung des absoluten Wertes eines Parameters ist im Anschluss an die Auswahl der Prüfkriterien jeweils ein Wertebereich in Verbindung mit Grenzwerten festzulegen, auf Grundlage dessen letztendlich der Status eines Parameters in Form eines Ampelsystems wiedergegeben werden kann. Da mittels dieses Ampelsystems jedoch nur eine grobe Einordnung des Status eines Prüfkriteriums möglich ist, werden die Prüfergebnisse im Sinne einer detaillierteren Beurteilung in Abhängigkeit des vorgegebenen gesamten Wertebereiches nach einem Punktesystem mit Werten im Bereich von 0 bis 1 bewertet, wobei die 1 jeweils den Optimalzustand bedeutet. Die aus dieser Transformation hervorgehenden Teilindizes werden unter Verwendung von Wichtungsfaktoren aggregiert, woraus letztlich jeweils ein Gesamtindex für den Analysekomplex resultiert. Dieser Gesamtindex ist bei dem entsprechend anzuwendenden Webservice in Schrift und in Form eines Farbbalkens im Farbspektrum einer Ampel dargestellt (vgl. Abbildung 6), wodurch in übersichtlicher Weise eine Zustandsbeschreibung zur Zellzahl auf Ebene der Herde geliefert wird und ein ggf. notwendiger Handlungsbedarf aufgrund entgleister Betriebskennwerte farbig signalisiert wird. Für die gewichtete Zellzahl der MLP als ein Parameter zur Beurteilung der Eutergesundheit erfolgt die Datenaufbereitung im Detail, wie nachfolgend erläutert. In Anlehnung an Angaben von SPOHR und WIESNER (1991), WENDT et al. (1998), BRADE (2001), WOLTER et al. (2002) sowie FAHR (2003) hinsichtlich der Zellzahlbeurteilung, wurden die in Tabelle 4 dargestellten Zellzahlbereiche in Zusammenhang mit der Zustandsbeschreibung in Form eines Ampelsystems festgelegt. Die Tabelle 5 zeigt die Transformation des absoluten Wertes des Prüfkriteriums in einen Teilindex („gewichtete Zellzahl MLP“), in Abhängigkeit der vorgegebenen Werteskala und die jeweilig zugehörige Zustandsbeschreibung in Form des Ampelsystems auf. WOLTER et al. (2002) und MAHLKOW-NERGE (2004) geben zu bedenken, dass sich die Eutergesundheitssituation einer Milchviehherde anhand der Tankmilchzellzahl bzw. der gewichteten Zellzahl der MLP nur unzureichend beurteilen lässt, weil sich hinter relativ günstigen Durchschnittswerten dennoch ein erhebliches Entzündungsgeschehen bei Einzeltieren verbergen kann. Weiterhin spricht nach WOLTER et al. (2002) einerseits das Argument, dass eine erhöhte Rate an klinischen Mastitiden nur eine geringe Auswirkung auf die Herdensammelmilch hat, weil diese nicht abgeliefert wird und andererseits der Sachverhalt, dass 60 - 70 % der Infektionen mit umweltassoziierten Erregern nicht länger als 30 Tage dauern, gegen die Verwertbarkeit von Durchschnittswerten. Diese Problematik spricht für die Nutzung der MLP-Zellzahlen der

Einzeltiere und deren Einordnung in Zellzahlklassen. Daher fließt neben der gewichteten Zellzahl der MLP die Verteilung der Einzeltiere auf Zellzahlbereiche in die Berechnung des „Zellzahlindex-MLP“ ein (vgl. Tabelle 3). Die auf die oben beispielhaft beschriebene Weise gewonnenen Teilindizes werden einer Wichtung unterzogen (Tabelle 6). Der ermittelte „Zellzahlindex-MLP“ wird dem Nutzer des Systems schließlich in Schrift sowie in Form eines Farbbalkens mittels eines Webservices ausgegeben (vgl. Abbildung 6).

Tabelle 4: Beurteilung der mittleren Zellzahl der Herdensammelmilch bzw. der gewichteten Zellzahl der MLP und Zuordnung im Ampelsystem

Ampelsignal	Zellzahlbereich (x 1.000 Zellen/ml)	Wertung hinsichtlich Eutergesundheit
grün	≤ 125	gesunde Milchdrüse; eutergesunde Herde
gelb	> 125 bis < 250	kein eindeutiger Hinweis auf Eutergesundheitsstörungen; Verdacht auf Eutergesundheitsstörungen
rot	≥ 250	Grenze der normalen Sekretion ist überschritten; Hinweis auf Mastitisproblem, in größeren Herden ggf. erhöhte Mastitisfrequenz; euterkrankte Herde

Tabelle 5: Einordnung von Werten zur mittleren Zellzahl der Herdensammelmilch bzw. der gewichteten Zellzahl der MLP nach einem Punktesystem und deren Wertung laut Ampelsystem

Zellzahl (x 1.000/ml)	Wert laut Punktesystem	Wertung nach dem Ampelsystem
0	1	grün
125	2/3	Übergang grün – gelb
250	1/3	Übergang gelb – rot
≥ 375	0	rot

Tabelle 6: Wichtungsfaktoren der Teilindizes der Prüfkriterien zur Berechnung des "Zellzahlindex-MLP"

Prüfkriterium		Wichtungsfaktor
1	gewichtete Zellzahl der zur MLP geprüften Tiere	1
2	Verteilung der MLP-Kontrollergebnisse nach Zellzahlklassen	
	Zellzahlklasse A (≤ 125.000/ml)	1
	Zellzahlklasse B (≥ 250.000/ml)	1
	Zellzahlklasse C (≥ 400.000/ml)	1

Betreffend der Beurteilung der Eutergesundheit einer Milchviehherde anhand der Einzeltielergebnisse zur Zellzahl aus der MLP ist festzuhalten, dass es hierbei zu Fehleinschätzungen kommen kann, weil unphysiologische Veränderungen eines oder mehrerer Viertel durch nicht beeinträchtigte Euterviertel nivelliert werden können.

Neben dem somatischen Zellgehalt der Milch gilt auch der Laktosegehalt aufgrund der Einflussnahme auf diesen Parameter infolge der veränderten sekretorischen Aktivität bei Beeinträchtigungen der Eutergesundheit als Indikator für die Eutergesundheit. Nach MIELKE (1994) steigt der Laktosegehalt im Verlauf vom ersten zum fünften Laktationstag von etwa 2,9 % auf 4,4 % an. In der zweiten bis sechsten Laktationswoche kommt es selbst bei extremer energetischer Unterversorgung zu einem Anstieg auf Werte über 4,6 %, bei adäquater Energieversorgung werden Werte bis über 4,8 % erreicht (ROSSOW und RICHARDT, 2003). Im Verlauf der Laktation vermindert sich der Gehalt an Laktose geringfügig. Der Laktosegehalt der Milch, der weder züchterisch noch durch die Fütterung nennenswert zu beeinflussen ist, wird für reife Milch eutergesunder Kühe mit einem durchschnittlichen Wert von 4,7 % (HAMANN und KRÖMKER, 1997; SCHLIMME und BUCHHEIM, 1999) bzw. 4,8 % (MIELKE, 1994; SCHULZ, 2003) angegeben.

Diese relative Konstanz des Laktosegehaltes erklärt SCHÜLER (1992) mit der osmotischen Wirkung der Laktose im Euter, welche die Milch gemeinsam mit dem Chloridgehalt isotonisch hält. Wird in der Milchdrüse nicht genügend Laktose synthetisiert, reduziert sich die Wasseraufnahme und damit die Milchbildung. Bei Eutergesundheitsstörungen wird der Laktosegehalt der Milch sowohl durch eine verringerte Bildungsrate als auch infolge der Schrankenlockerung, wodurch die Laktose in den Blutkreislauf übertreten und mit dem Harn ausgeschieden werden kann, vermindert. Im Gegenzug penetrieren vor allem Natrium und Chloride in die Milch. Da ein erniedrigter Laktosegehalt (< 4,6 %) bei einer normalen Versorgungslage auf Sekretionsstörungen hindeutet, kann dieser nach SCHÜLER (1992) als Kriterium zur Beurteilung der Eutergesundheit herangezogen werden, was von HAMANN und KRÖMKER (1997) sowie BRADE (2001) bestätigt wird. Im Rahmen des Projektes sollte die Aussagefähigkeit bzw. Nutzbarkeit des Laktosegehaltes des Einzeltiers aus der MLP hinsichtlich des Eutergesundheitsstatus näher betrachtet werden. Als Vergleichsgröße war lediglich die Zellzahl aus der MLP jeweils desselben Prüftages verfügbar. Die MLP-Daten von zwei Testbetrieben im Zeitraum von September 2005 bis Januar 2006 dienten als Datengrundlage.

Untersuchungen im Rahmen des Projektes bestätigen den bekanntlich physiologisch bedingt ähnlichen Kurvenverlauf des Laktosegehaltes der Milch zu dem der Milchmenge. Nach einem Anstieg des Laktosegehaltes zu Beginn der Laktation verdichten sich die Werte im weiteren Verlauf bis etwa zum 200. Laktationstag, entsprechend Literaturangaben auf einen Bereich von 4,7 bis 4,9 %. Zum Ende der Laktation sinkt der Laktosegehalt tendenziell weiter ab (vgl. Abbildung 7).

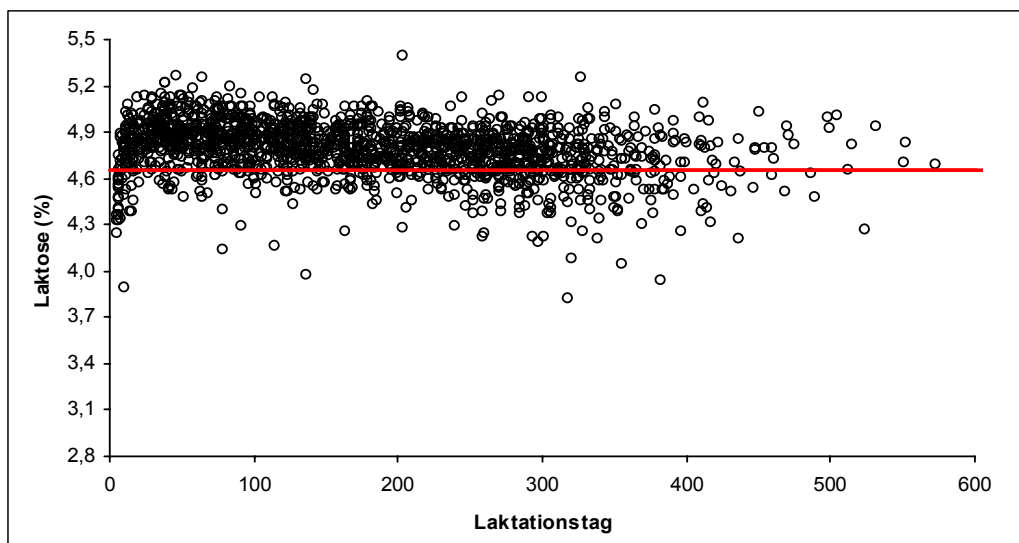


Abbildung 7: Der Laktosegehalt im Laktationsverlauf - Betrieb A (MLP-Daten 09/05-01/06)

Die nachfolgende Abbildung zeigt die transformierten Zellzahlergebnisse aus der MLP des Betrieb A in den sog. Linear Somatic Cell Score (SCS) in Abhängigkeit des Laktationstages.

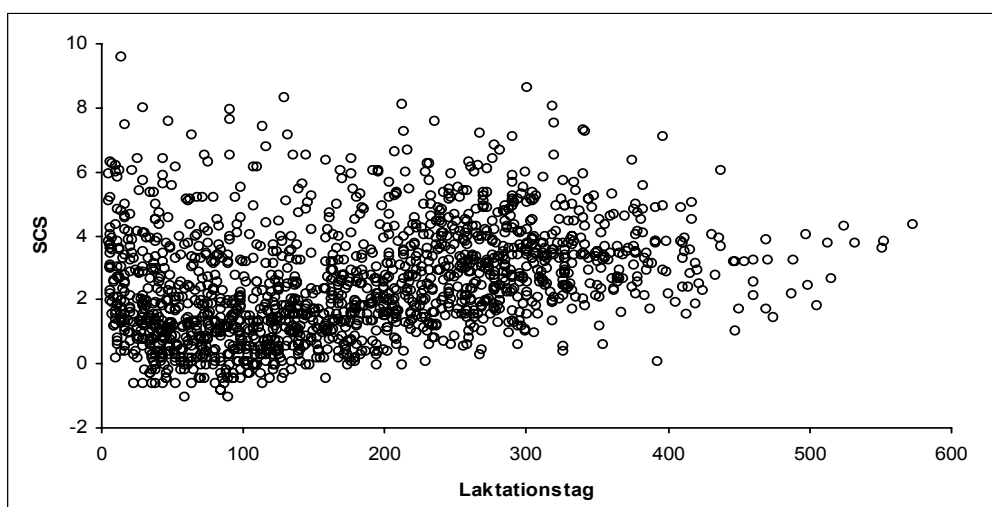


Abbildung 8: Der SCS in Abhängigkeit des Laktationstages – Betrieb A

Aus dieser Abbildung geht deutlich hervor, dass der SCS einen dem Laktosegehalt der Milch entgegengesetzten Laktationsverlauf aufweist, so dass offenbar ein Zusammenhang zwischen diesen beiden Parametern besteht. Korrelationsberechnungen ergaben mit Korrelationskoeffizienten von $r = -0,33$ bei Betrieb A ($p < 0,001$) bzw. $r = -0,50$ bei Betrieb C ($p < 0,001$) eine signifikant negative Beziehung des Laktosegehaltes der Milch zum SCS. Im Rahmen des Projek-

tes konnte festgestellt werden, dass der Laktosegehalt unter Beachtung bestimmter Kriterien die Aussage zur Eutergesundheit anhand der Zellzahl unterstützen bzw. absichern kann. Den Ergebnissen dieses Projektes nach sind diejenigen Laktosegehalte aus der MLP zur Beurteilung der Eutergesundheit verwendbar, bei denen die folgenden Kriterien erfüllt sind:

Laktationstag: < 200 Tage p.p.

FEQ: 1,0 bis 1,3

Harnstoffgehalt: 150 – 300 mg/l Milch

Aufgrund des physiologisch bedingten Laktationsverlaufs des Laktosegehaltes und der bestehenden Unsicherheit hinsichtlich der Brauchbarkeit dieses Parameters zur Identifizierung von Eutergesundheitsstörungen wurde der Laktosegehalt der Milch zumindest vorerst im Rahmen des MTR-Monitoring nicht genutzt. Um den Nutzen dieses Parameters feststellen zu können, sind detailliertere Untersuchungen anhand spezifischerer Vergleichsgrößen (klinische und bakteriologische Untersuchung) erforderlich.

Weitere in Kombination nutzbare Parameter zur Bewertung der Eutergesundheit sind der Literatur nach in der elektrischen Leitfähigkeit der Milch, der Milchmenge sowie dem Milchfluss und verhaltensbezogenen Parametern (z.B. Futterverzehr, Aktivität) zu sehen. Diese wurden jedoch in diesem Zusammenhang nicht näher betrachtet.

Wesentlich wichtiger als die monatliche Bewertung relevanter Parameter zur Beurteilung der Eutergesundheit einer Milchviehherde wäre die Verfügbarkeit eines Früherkennungsmodells zur Identifizierung von Eutergesundheitsstörungen auf Ebene des Einzeltiers bzw. vielmehr des Euterviertels. Die Entwicklung eines solchen Früherkennungsmodells auf Ebene des Einzeltiers bzw. der einzelnen Euterviertel erfordert eine Methodik der Datenverarbeitung, welche mit unergündeten bzw. vagen Zusammenhängen umzugehen vermag und Informationen zu Parametern verarbeiten kann, welche aufgrund der Vielzahl einwirkender Faktoren schwierig zu interpretieren sind. Die Fuzzy Logic liefert dazu einen praktikablen, in der Milchproduktion bisher jedoch kaum evaluierten Ansatz. Die jeweils ausgewählten relevanten Parameter in Form absoluter Werte bzw. deren relativer Veränderung (Eingangsgroßen) werden mittels der Fuzzy Logic bezüglich einer konkreten Fragestellung (z.B. Eutergesundheitsstatus) mit Hilfe einer mathematischen Modellierung von realen Prozessen interpretiert. Ergebnis dieses Vorgangs ist die Ausgabe einer Information zur Beurteilung eines Zustandes (Ausgangsgroße). Wegen der mangelhaften Verfügbarkeit solcher „unscharfen“ Parameter hinsichtlich deren Qualität bzw. Quantität ist die Entwicklung eines solchen Früherkennungsmodells derzeit weder zu rechtfertigen noch zweckmäßig. Die Probleme in der Datenstruktur bestehen konkret in der Kontinuität bzw. dem Zeitintervall des Datenanfalls zu relevanten Milchinhaltsstoffparametern, der Datenqualität der Melkprozessdaten, der Datenbasis (Einzeltier / Euterviertel) sowie der mangelnden Verfügbarkeit von Parametern infolge der gegebenen technischen Ausstattung (elektrische Leitfähigkeit der Milch, Aktivitätsmessung).

4 Integration des Testherdensystems in die Kommunikationsplattform Ikv.net

Im Bereich der Milchproduktion konzentriert sich die Zuchtarbeit zunehmend stärker auf die sog. „Funktionalen Merkmale“. Die züchterische Ausgangssituation zu deren Verbesserung ist allgemein diffizil, da für die betreffenden Merkmale sowohl meist geringe Heritabilitäten (h^2) von $\leq 0,10$ als auch z.T. genetisch negative Beziehungen bestehen und die Merkmale zudem partiell sehr komplex und schwer zu erfassen sind (BERGFELD, 2004). Um dieser Situation begegnen zu können, werden neben einer adäquaten Wichtung im Zuchtziel und der Nutzung molekulargenetischer Informationen insbesondere eine genauere und differenziertere Merkmalerfassung als erforderlich betrachtet und forciert (BERGFELD und FISCHER, 2005). Aufgrund dieser Situation sowie

der Problematik veränderter Rahmenbedingungen der Leistungsprüfung,
des zunehmenden Kostendrucks auf die Milchproduktion,
der Notwendigkeit der Anpassung von Zuchtzielen an die Marktbedingungen und Produktionsergebnisse,
der rückläufigen staatlichen Förderung der Leistungsprüfung sowie
des Vorhandenseins neuer technischer Lösungen und Ergebnissen aus der Wissenschaft

soll neben der flächendeckenden Leistungsprüfung zusätzlich sowohl das sog. Testherdensystem als auch die gezielte Datenerfassung in Bullenmütter- und Eigenleistungsprüfstationen der Zuchtwertschätzung (ZWS) dienen. Die Notwendigkeit des seit dem Jahr 2000 in Zusammenarbeit von der Sächsischen Landesanstalt für Landwirtschaft und dem SRV bearbeiteten Testherdensystem, in welchem derzeit 13 Betriebe vertraglich gebunden sind, wird durch nachfolgende Argumente begründet (FISCHER et al., 2005):

Prüfung unter Praxisbedingungen und repräsentative Auswahl

Möglichkeit der Einflussnahme auf die Datenerhebung in Umfang und Genauigkeit

(z. B. Mindestanforderungen an die Erkrankungserfassung)

gute Datenstruktur durch ausreichendem Umfang und Leistungsniveau

optimale Verteilung der Testbullen über die Testbetriebe

hohe Wiederfindungsraten (normal 10 - 12 / Bulle; hier nur 4 – 5 / Bulle)

Optimierung des Datentransfers

langfristige Sicherung der Testkapazität

Rückgang einer flächendeckenden Leistungsprüfung

Aus diesen Argumenten heraus erwachsen die konkreten Ziele der Anwendung des Testherdensystems, die sowohl in der Gewährleistung einer verbesserten Erfassung funktionaler Merkmale sowie einer höheren Genauigkeit der Zuchtwertschätzung und der Verbesserung des Prüfplanes als auch der Effizienzsteigerung und Kosteneinsparung u.a. durch weniger umfangreiche Testanpaarungen für die daraus resultierenden Töchterleistungen bestehen.

Die erfolgreiche Etablierung und Effizienz des Testherdensystems sowie die Umsetzung des Systemausbaus auf geplante 200 – 300 Betriebe erfordert einen weiteren Generierungsbedarf bezüglich des Umgangs mit der Datenflut, welcher insbesondere im Aufbau eines adäquaten Datenerfassungssystems und einer zentralen Datenbank, der Standardisierung der Datenerfassung, der Sicherung der Datenqualität und der Anwendung vereinheitlichter Diagnoseschlüssel für Erkrankungen (in Anlehnung an Staufenberg) zu sehen ist. Weiterhin sollte die Möglichkeit und Umsetzung populationsgenetischer Auswertungen sowie eine zukünftige Erfassung zusätzlicher Merkmale in den Testherden, wie beispielsweise Geburtsgewichte, Exterieur in der 2. Laktation und BCS, als notwendige Erweiterungen des Entwicklungsstandes in Betracht gezogen werden. All diese Schritte dienen letztlich dem Aufbau eines effizienten, integrierten Prüfsystems für die Zuchtwertschätzung, welcher mittels des Projekts vorangetrieben werden sollte. Die dazu erforderliche Datenbank kann neben der Zuchtwertschätzung durch zweckmäßige Algorithmen der Datenverdichtung, dem Informationsgewinn bzw. der Entscheidungsunterstützung für das Beratungswesen sowie das betriebliche Management, insbesondere auch zum Zwecke der Gesundheitsvorsorge, dienlich sein.

Der dritte Fokus des Projektes war aufgrund der oben beschriebenen Situation auf die Entwicklung eines leistungsfähigen, automatisierten Verfahrens zur Datengewinnung und -übermittlung aus dem bei Teilnahme am Testherdensystem vorausgesetzten Herdenmanagementsystem HerdeW in eine zentrale Datenbank gerichtet. Dazu wurden im Rahmen des Projektes erste Arbeitsschritte zur Generierung der erforderlichen allgemeingültigen Schnittstelle in HerdeW auf Basis von ADIS-ADED geleistet. Die aus dem Herdenmanagementsystem HerdeW in frei wählbaren zyklischen Abständen automatisch abzurufenden Informationen sollen mit Hilfe der Kommunikationsplattform trans.lkv.net automatisch in eine zentrale Datenbank transferiert werden. Mittels einer sog. Requestdatei wird also definiert, welche Tabellen und Datenfelder im ADIS-ADED-Format aus HerdeW ausgelesen werden sollen. Der Datenabruf wird entsprechend der Einstellung in trans.lkv.net automatisch initiiert. Alle Aktionen werden in einer Logdatei protokolliert. Die ausgelesenen Daten werden in einer Ausgabedatei gesichert und zusammen mit der Protokolldatei unmittelbar zum Server des LKV mit der Datenbank übertragen und eingelesen. Sollte zum Transferzeitpunkt keine Verbindung zum Server möglich sein, werden diese Dateien bis zum nächstmöglichen Transfer beim Landwirt gepuffert.

Die Vorgehensweise beim Datentransfer entspricht der beim automatisierten Erfassungsverfahren von Melkbarkeitsdaten. In den Systemaufbau dieses automatisierten Datenerfassungsverfahrens soll die Möglichkeit implementiert werden, die geforderten Informationen aus HerdeW selbst zu definieren und den Datenexport komplett sowie auch inkrementell zu unterstützen. Der generische Ansatz dieser Schnittstelle ermöglicht prinzipiell auch die zukünftige Integration anderer HMS in dieses System. Die Abbildung 9 zeigt einen ersten Entwurf einer Datenbankstruktur der aus dem HMS HerdeW ausgelesenen Daten, wobei das Einzeltier jeweils den Kern bildet, d.h. alle transferierten Informationen an die Identität des Einzeltiers geknüpft sind. Die

endgültige Struktur der Datenbank wird festgelegt, wenn die entsprechenden Kernanforderungen des Testherdensystems und der Zuchtwertschätzung konkretisiert wurden.

Die Erarbeitung der Details der Datenbankstruktur, der Probelauf dieses automatisierten Datenerfassungsverfahrens sowie der ggf. erforderliche Überarbeitungsbedarf des Systems bezüglich des Inhalts bzw. Aufbaus sind die nächsten erforderlichen Arbeitsschritte. Die auf diese Weise gewonnenen Informationen sollen sowohl dem Testherdensystem als auch dem Beratungswesen als Datengrundlage dienen. Das Testherdensystem, welches zunächst Untersuchungen dient, die „Funktionalen Merkmale“ und dabei insbesondere Merkmale der Tiergesundheit züchterisch nutzbar zu machen, wird zukünftig die Datenbasis für die Zuchtwertschätzverfahren dieses und evtl. weiterer Merkmalskomplexe bilden. Das erfolgreiche und effiziente Betreiben des Testherdensystems erfordert einen weiteren Generierungsbedarf bezüglich des Umgangs mit der Datenflut, welcher insbesondere in einem weitgehend automatisierten Prozess hinsichtlich der Datengewinnung, -übermittlung und -verarbeitung sowie in der die Dokumentationsdisziplin der Milcherzeuger und der Sicherung der Datenqualität zu sehen ist. Dazu leistete das Projekt erforderliche methodische Vorarbeiten.

5 Zusammenfassung

Im Milchproduktionsprozess ist eine Vielzahl von Informationen zum einzelnen Tier verfügbar, welche sowohl als betriebliche Managementhilfe fungieren und Arbeitsgrundlage des Beratungswesens sind als auch dem Informationsgewinn in der Milchrindzucht dienen. Dies setzt allerdings eine disziplinierte Datenerfassung der am Milchproduktionsprozess Beteiligten und eine anschließend zweckmäßige Datenaufbereitung der aus verschiedenen Quellen zusammengeführten Daten voraus.

Ziel eines Arbeitsschwerpunktes des Projektes war es, Lösungsansätze zur Entwicklung eines alternativen Verfahrens der Gewinnung von Melkbarkeitsdaten zur herkömmlichen Melkbarkeitsprüfung zu liefern. Bei einem solchen zu generierenden automatisierten Datenerfassungsverfahren werden die in der Software zum melktechnischen System abgespeicherten Daten des Melkprozesses mittels eines Webservices zum LKV transferiert und dort einem Datenaufbereitungsverfahren unterzogen. Von der technologischen Seite her, d.h. der Datenbereitstellung und dem Datentransfer, steht der Anwendung dieses Prüfverfahrens nichts entgegen, bei der Methodik der Datenaufbereitung hingegen ist die Entwicklungsarbeit nicht abgeschlossen. Die Auswertungen haben gezeigt, dass im Rahmen der Datenaufbereitung eine Datenbereinigung zwingend erforderlich ist, ebenso wie eine Berücksichtigung der auf die Melkprozessdaten wirkenden Einflüsse. Der Prüfumfang der künftig mittels dieser Methode zu bearbeitenden Melkbarkeitsprüfungen ist als relativ gering einzuschätzen, sofern die Methode nicht auch bei Melktechnik anderer Hersteller realisiert werden kann. Dazu wäre allerdings eine Präzisierung bzw. Standardisierung der Definition der Messpunkte der Melkdauer notwendig. Die zusätzliche Nutzung des Parameters maximaler Milchfluss als Datengrundlage für die Zuchtwertschätzung Melkbarkeit ist zu empfehlen.

Anliegen dieses Projektes war es weiterhin, Grundlagen bezüglich des Aufbaus und Inhaltes eines Monitoring-Systems zu erarbeiten, welches aufgrund des umfassenden Informationsgewinns zu Produktionskennzahlen der Themenbereiche „Milch & Melkprozess“, „Tiergesundheit“ und „Reproduktion“ als entscheidungsunterstützendes System fungiert. Derzeit können beim MTR-Monitoring lediglich Inhalte des Moduls „Milch & Melkprozess“ bearbeitet werden, welche auf den aus der MLP und Rohmilch-Güteprüfung gewonnenen Daten basieren. Zur umfassenden Anwendbarkeit aller Module des MTR-Monitoring ist weitere Entwicklungsarbeit, insbesondere hinsichtlich technischer Lösungen des Datengewinns bzw. Datentransfers und der Anwendung von Datenaufbereitungsverfahren erforderlich. Für die Entwicklung eines Früherkennungssystems für Eutergesundheitsstörungen ist die erforderliche Datenstruktur derzeit nicht gegeben.

Der dritte Fokus des Projektes war auf die Entwicklung eines leistungsfähigen, automatisierten Verfahrens zur Datengewinnung und –übermittlung aus dem Herdenmanagementsystem Her-

deW in eine zentrale Datenbank gerichtet. Dazu wurden im Rahmen des Projektes erste Arbeitsschritte zur Generierung der erforderlichen allgemeingültigen Schnittstelle in HerdeW auf Basis von ADIS-ADED geleistet. Die aus dem Herdenmanagementsystem HerdeW in frei wählbaren zyklischen Abständen automatisch abzurufenden Informationen sollen mit Hilfe der Kommunikationsplattform lkv.net automatisch in eine zentrale Datenbank transferiert werden. In den Systemaufbau dieses automatisierten Datenerfassungsverfahrens soll die Möglichkeit implementiert werden, die geforderten Informationen aus HerdeW selbst zu definieren und den Datenexport komplett sowie auch inkrementell zu unterstützen. Der generische Ansatz dieser Schnittstelle ermöglicht prinzipiell auch die zukünftige Integration anderer HMS in dieses System. Der Probelauf dieses automatisierten Datenerfassungsverfahrens sowie der ggf. erforderliche Überarbeitungsbedarf des Systems bezüglich des Inhalts bzw. Aufbaus sind die nächsten erforderlichen Arbeitsschritte. Die auf diese Weise gewonnenen Informationen sollen sowohl der Zuchtwertschätzung „Funktionaler Merkmale“ als auch dem Beratungswesen als Datengrundlage dienen.

6 Literaturverzeichnis

- ADR (1987): ADR-Empfehlung 3.3 für die Durchführung von Melkbarkeitsprüfungen.
- BAUER, A. und GÜNZEL, H. (2004): Data-Warehouse-Systeme: Architektur – Entwicklung – Anwendung. dpunkt.verlag GmbH, Heidelberg, S. 109 - 118
- BERGFELD, U. (2004): Chancen und Risiken der Zucht auf Hochleistung. Sächsischer Milchrindtag, 05.11.2003, Großolbersdorf
http://www.landwirtschaft.sachsen.de/de/wu/Landwirtschaft/lfl/inhalt/10397_10423.htm;
 01.12.2005; 08:07
- BERGFELD, U. und FISCHER, R. (2005): Chancen der Zucht auf funktionale Merkmale in der Milchrindzucht. Köllitscher Fachgespräch „Zucht auf funktionale Merkmale in der Milchrindzucht“, 30.11.2005
- BRADÉ, W. (2001): Eutergesundheit, somatischer Zellgehalt und Milchqualität. Tierärztl. Umschau **56**, 470 - 476
- BRADÉ, W. (2005): Melkbarkeit und Melkverhalten – funktionale Merkmale mit zunehmender Wichtigkeit in der Milchrinderzüchtung. <http://www.lwk-hannover.de>
- DUDA, J. (1995): Beziehungen zwischen Melkbarkeit und Mastitisanfälligkeit. Züchtungskunde **67**, 467 - 476
- DUDA, J. (1996): Möglichkeiten der Züchtung auf Eutergesundheit über Zellzahl. In: Milchinhaltsstoffe und Milchqualität. DGfZ-Schriftenreihe, Heft 6, 115 - 121
- FAHR, R.-D. (2003): Tier- und umweltbedingte Einflussfaktoren auf die Milchleistung, Milchinhaltsstoffe und Qualitätsmerkmale. In: Milcherzeugung: Grundlagen – Prozesse – Qualitätssicherung. Deutscher Fachverlag, Frankfurt am Main
- FISCHER, R., KEHR, C. und BERGFELD, U. (2005): Stand der Umsetzung des Testherdensystems in Sachsen und weiteres Vorgehen. Köllitscher Fachgespräch „Zucht auf funktionale Merkmale in der Milchrindzucht“, 30.11.2005

- GABRIEL, R., CHAMONI, P. und GLUCHOWSKI, P. (2000): Data Warehouse und OLAP – Analyseorientierte Informationssysteme für das Management. In: Zeitschrift für betriebswirtschaftliche Forschung, 52 Jg., 2000, Nr. 2, S. 74 - 93
- GEIDEL, S. und GRAFF, K. (2001): Morphologie der Zitze und melktechnische Parameter. Jahrestagung der Wissenschaftlichen Gesellschaft der Milcherzeugerberatung, Berlin 12.-13.09.2001 <http://cms.wgmev.de/index.php>
- GÖFT, H. (1991): Untersuchungen zur Präzisierung der Milchabgabeparameter von Kühen unter besonderer Berücksichtigung des Verlaufes der Milchflusskurven. Diss. München - Weihenstephan
- GÖFT, H., DUDA, J., DETHLEFSEN, A. und WORSTTORFF, H. (1994): Untersuchungen zur züchterischen Verwendung der Melkbarkeit beim Rind unter Berücksichtigung von Milchflusskurven. Züchtungskunde **66**, 23 - 27
- GRINDAL, R.J. and HILLERTON, J.E. (1991): Influence of milk flow rate in new intramammary infection in dairy cows. J. Dairy Sci. **58**, 263 - 268
- GULYAS, L. and IVANCSICS, J. (2001): Relationship between the somatic cell count and certain udder-morphologic traits. Arch. Tierzucht **44**, 15 - 22
- HAMANN, J. und KRÖMKER, V. (1997): Potential of specific milk composition variables for cow health management. Livest. Prod. Sci. **48**, 201 - 208
- INMON, W.H., TERDEMAN, R.H. und IMHOFF, C. (2000): Exploration Warehouse: Turning Business Information into Business Opportunity. New York, Chichester et al. 2000
- JAHNKE, B. (2004): Hoher Zellgehalt kostet Leistung. Elite, 2/2004, 48 - 49
- KEMPER, H.-G., MEHANNA, W. und UNGER, C. (2004): Business Intelligence – Grundlagen und praktische Anwendungen. Friedr. Vieweg & Sohn Verlag / GWV Fachverlage GmbH, Wiesbaden
- MAHLKOW-NERGE, K. (2004): Milchqualität und Eutergesundheit. Milchpraxis, 42. Jg., 1/2004, 21 - 25
- MIELKE, H. (1994): Physiologie der Laktation. In: Euter- und Gesäugekrankheiten. Gustav Fischer Verlag, Jena-Stuttgart
- MUCKSCH, H. und BEHME, W. (2000): Das Data Warehouse-Konzept als Basis einer unternehmensweiten Informationslogistik. In: Das Data Warehouse-Konzept, 4. Auflage, Wiesbaden
- MÜLLER, U., KLUNKER, M. und BERGFELD, U. (1997): Entwicklung einer BLUP-Zuchtwertschätzung auf Melkbarkeit. Abschlussbericht zum Forschungsprojekt, Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft
- PERES-GUZMAN, M.D., CLAUS, J., JUNGE, W. und KALM, E. (1986): Untersuchungen zur Melkbarkeit und Eutergesundheit beim Rind. 1. Mitteilung: Prüfung von Zusammenhängen zwischen Milchfluss und Eutergesundheit. Züchtungskunde **58**, 21 - 31
- ROSSOW, N. und RICHARDT, W. (2003): Nutzung der Ergebnisse der Milchleistungsprüfung für die Fütterungs- und Stoffwechselkontrolle. <http://www.portal-rind.de/portal/artikel/detail.php?artikel=68&sp=20>, 23.12.2004; 08:12
- SCHLIMME und BUCHHEIM (1999): Milch und ihre Inhaltsstoffe: Chemische und physikalische Eigenschaften. Verlag Th. Mann, Gelsenkirchen

- SCHÜLER, D. (1992): Beeinflussung des Milcheiweißgehaltes und weiterer Parameter der Rohmilchqualität über die Fütterung. Landwirtschaftliche Untersuchungs- und Forschungsanstalt (LUFA) Thüringen, Jena
- SCHÜLZ (2003): Bau der Milchdrüse und Physiologie der Laktation.
In: Milcherzeugung: Grundlagen – Prozesse – Qualitätssicherung. Deutscher Fachverlag, Frankfurt am Main
- SPOHR, M. und WIESNER, H.-U. (1991): Kontrolle der Herdengesundheit und Milchproduktion mit Hilfe der erweiterten Milchleistungsprüfung. Milchpraxis, 29. Jg., 4/1991, 231 - 236
- VIT (2004): Jahresbericht 2004 des VIT. http://www.vit.de/Jahresbericht_des_VIT.html
01.12.2005; 09:23
- WENDT, K., LOTTHAMMER, K.-H., FEHLINGS, K. und SPOHR, M. (1998): Handbuch Mastitis. Kamlage Verlag GmbH & Co., Osnabrück
- WIKIPEDIA (2005a): Business Intelligence. <http://de.wikipedia.org/wiki/Business-Intelligence>,
18.12.2005; 16:40
- WIKIPEDIA (2005b): Data-Mining. http://de.wikipedia.org/wiki/Data_Mining 18.12.2005; 15:02
- WOLTER, W., KLOPPERT, B., CASTANEDA, H. und ZSCHÖCK, M. (2002): Die Mastitis des Rindes – Ein Kursbuch. <http://bibd.uni-giessen.de/ghm/2002/uni/p020001.htm>
15.11.2005; 09:26

Analyse züchterischer Maßnahmen zur Verbesserung der Fruchtbarkeit beim Schwein

Karin Müller, Dr. Ulf Müller, Dr. Uwe Bergfeld, Felicitas Gschwender, Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Fachbereich Tierische Erzeugung

Inhalt

- 1 Einleitung und Problemstellung
- 2 Literatur
- 3 Material und Methode
 - 3.1 Verfahrensbeschreibung
 - 3.2 Beschreibung der Merkmale und Faktoren
 - 3.3 Rohdaten
 - 3.4 Modelle
- 4 Ergebnisse und Diskussion
 - 4.1 Einfluss der fixen Faktoren
 - 4.2 Parameterschätzung
 - 4.3 Auswertung Ferkelverluste
- 5 Zusammenfassung und Schlussfolgerung
- 6 Literaturverzeichnis
- Anlage

1 Einleitung und Problemstellung

In der Schweinezucht ist die Nutzung der Zuchtwertschätzung heute unerlässlich, sei es für die Anpaarungsplanung oder die Selektion. Ohne eine moderne Zuchtwertschätzung ist eine erfolgreiche Zucht nicht möglich. Sie dient als Entscheidungshilfe, welche Tiere zur Zucht genutzt werden können. In die momentane Zuchtwertschätzung fließen zur Mast- und Schlachtkörperleistung die Merkmale Lebenstagszunahme, Futteraufnahme, Fettfläche, Rückenmuskelfläche und Ultraschall, sowie zur Fruchtbarkeit nur das eine Merkmal lebend geborene Ferkel ein (MÄURER, 2002).

Die Zuchttauglichkeit einer Sau wird auch über die Produktivität gemessen. Eine Sau soll möglichst viele gesunde Ferkel aufziehen und die Würfe sollen ausgeglichen sein. Es geht dabei nicht nur um die Erreichung eines Zuchtziels, sondern auch entscheidend um die Wirtschaftlichkeit der Unternehmen. Die Zuchtziele werden von den einzelnen Organisationen festgelegt. Für den Mitteldeutschen Schweinezuchtverband gilt für die Deutsche Landrasse, dass die Jungsau mindestens 9 lebend geborene und 8 aufgezogene Ferkel haben sollen und für Altsauen 10 lebend geborene und 9 aufgezogene Ferkel (Verbandsrichtlinien MSZV, 2001).

Grundvoraussetzung für die Erreichung der Zuchtziele ist die Leistungsfähigkeit der Genetik. Jedoch ist gerade die Fruchtbarkeit durch die Umwelt stark beeinflussbar, was nach sich zieht, dass die Erblichkeit der Merkmale gering aber dennoch vorhanden ist. Das Management, die Fütterung, die Haltung, das Klima innerhalb und außerhalb des Stalls, sowie den damit verbundenen Temperaturschwankungen, Luftfeuchte und Luftbewegungen, die Krankheitssituation und der Umgang durch den Menschen entscheiden maßgeblich über Aspekte der Fruchtbarkeit wie Ovulationsrate, Anzahl befruchteter Eizellen, Umrauschen, prä- und postnatale Ferkelverluste und Geburtsgewichte. In Sachsen sind die Ferkelverluste im Jahr 2004 auf 14,31% angestiegen, gleichzeitig ist auch die Anzahl der lebend geborenen Ferkel auf 24,98 Ferkel je Sau und Jahr gewachsen (Sächsischer Tierzuchtreport 2004). An diesen Zahlen wird deutlich, dass die Selektion nach Anzahl lebend geborener Ferkel Fortschritte bringt, zeigt aber auch den Antagonismus zu den Verlusten. Es ist bekannt, dass eine negative Korrelation zwischen der Anzahl lebend geborener Ferkel und Anzahl Totgeburten sowie dem Geburtsgewicht besteht. Das Geburtsgewicht ist das ‚Startkapital‘ für die Ferkel.

Das vorliegende Projekt hatte zum **Ziel**, die Zusammenhänge zwischen den phänotypischen und den genetischen Merkmalen der Fruchtbarkeits- und Wurfleistungen an einem hiesigen Sauenbestand zu analysieren. Es sollen daraus selektionswürdige Merkmale für einen neu zu konzipierenden Gesamtzuchtwert Fruchtbarkeit für das Zuchtgebiet des Mitteldeutschen Schweinezuchtverbandes e.V. abgeleitet werden.

2 Literatur

Das **Geburtsgewicht** ist die entscheidende Ausgangsgröße für das weitere Leben und Überleben der Ferkel und bildet somit das größte Risikopotenzial. Schwere Ferkel haben biologische Vorteile, sie haben eine größere Körperoberfläche und mehr Energiereserven und können dadurch Stressfaktoren besser kompensieren. Einfluss auf das Geburtsgewicht haben das Betriebsmanagement (Haltungsbedingungen, Fütterung), die Genetik der Sauen, die Trächtigkeitsdauer, Wurfgröße, Gewicht und Alter der Sauen. Große Sauen oder Altsauen können aufgrund einer höheren Plazentamasse und –oberfläche, dass bedeutet auch größere Gebärmutter, größere Würfe (2-3 kg mehr) gebären (PRANGE, 2004). Ferkel mit höheren Geburtsgewichten zeigen bessere Zunahmen. Das individuelle Geburtsgewicht und die Abweichung vom Mittel des Wurfs sind für die Zunahmen während der Säugezeit und damit für die Absetzgewichte ausschlaggebend (MEYER, 2002).

RÖHE schlägt aufgrund der negativen Beziehung zwischen Wurfgröße und Ferkelwachstum sowie der damit verbundenen Steigerung der Ferkelverluste ein neues Selektionskriterium vor. Für Totgeburten und Saugferkelverluste hat er die maternale Heritabilität dieser Effekte von 0,02 und die direkte Heritabilität von 0,01 berechnet.

Die Geburtsgewichte sind maternal genetisch wesentlich höher determiniert als die Ferkelverluste, die maternal genetische Heritabilität dafür liegt bei 0,15 – 0,22 und die direkte bei 0,02 – 0,15 (bezogen auf das intrauterine Wachstum des Ferkels). Die genetischen Korrelationen zwischen direkten und maternalen Effekten liegen zwischen -0,22 und 0,33. Zwischen dem Geburtsgewicht und den prä- und postnatalen Ferkelverlusten besteht ein nichtlinearer Zusammenhang, so dass eine Interpretation der genetischen Korrelation schwierig ist und von geringem Informationswert, weil diese dann vom Mittel der Population abhängt.

Aufgrund von Versuchen zeigt RÖHE, dass das optimale Geburtsgewicht um 1,6 kg liegt. Bei steigenden Gewichten nimmt das Risiko bis auf 19% zu und bei sinkenden Geburtsgewichten erhöht sich das Risiko bis auf 41%. Daher ergibt sich als Zuchtziel für das Geburtsgewicht 1,6 – 1,7kg. Die maximale Gesamtüberlebenswahrscheinlichkeit liegt bei 88 – 89%. Darauf basierend ist ein neues Selektionskriterium abgeleitet worden, die geburtsgewichtsabhängige Überlebensrate (GAÜ). Dafür werden die Geburtsgewichte auf die Überlebenswahrscheinlichkeitskurve transformiert. Nach einer Selektion nach diesem neuen Merkmal verändert sich das Geburtsgewicht der Population zum Optimum und die Überlebensrate von Geburt bis zum Absetzen wird maximiert. Würde hingegen nur nach dem individuellen Geburtsgewicht selektiert werden, wäre das Optimum mit 1,86kg überschritten. Dies hätte zur Folge, dass zwar die Saugferkelverluste von 10,3 auf 8,1% fallen, aber die Totgeburten von 12,3 auf 13,1% steigen würden. Bei der Selektion nach GAÜ werden etwas höhere Saugferkelverluste von 11,2% erreicht, aber die Totgeburten sinken auf 8,5%. Der Gesamtverlust wird dadurch reduziert und der Merkmalsantagonismus zwischen Wurfgröße und Geburtsgewicht umgangen.

Um die Varianz innerhalb der Würfe zu verringern, reicht die Selektion nach GAÜ nicht aus. Dafür muss die Abweichung vom optimalen Geburtsgewicht für jedes Ferkel ermittelt werden. Wird dieses Kriterium und die GAÜ in einem Index zusammengefasst, kann die Zielsetzung nach einer Verminderung der Varianz innerhalb des Wurfes erreicht werden (RÖHE, 2004).

KISSNER et al. versuchen genetische Parameter für Wurfleistung und Wurfqualität mittels eines linearen Modells zu schätzen. In diesem Modell sind die Elternkombination (1-3) und die Wurfnummer (1-7) als fixe Effekte berücksichtigt. Der permanente Umwelteffekt Sau wird nur bei den mittleren Wurfleistungen einbezogen. Die Berechnungen werden unterteilt nach Wurfnummern. Die Werte zwischen den einzelnen Wurfnummern weisen keine Einheit auf. Bei der Schätzung mit allen Wurfnummern werden Heritabilitäten für lebend geborene Ferkel von 0,026, für das mittlere Geburtsgewicht des Wurfes und die Streuung von 0,229 und 0,029 und für das mittlere Absetzgewicht und die dazugehörige Streuung von 0,024 und 0,021 ausgewiesen. Die Gewichte wurden auf die Anzahl der insgesamt geborenen Ferkel korrigiert (KISSNER et al., 1996).

TÄUBERT et al. schätzen Heritabilitäten für die Merkmale Wurfgröße, durchschnittliches Geburtsgewicht im Wurf und Streuung der Gewichte im Wurf zur Geburt als Merkmale für Sau/Wurf. Fixe Effekte sind Herde-Jahr-Saison sowie Wurfnummer, als Kovariable gilt die Trächtigkeitsdauer und der zufällige Tiereffekt Sau, der permanente Umwelteffekt Sau und der zufällige Effekt des Vaters werden angeführt. Es wurden h^2 -Werte von 0,119 für die Wurfgröße, für das Geburtsgewicht und die Streuung von 0,354 und 0,104 berechnet. Für die individuellen Geburtsgewichte der Ferkel wurde ein gesondertes Modell genutzt. Fixe Effekte sind dabei das Geschlecht des Ferkels, die Wurfnummer der Muttersau und Herde-Jahr-Saison, als zufällig gelten der additiv genetische Effekt des Ferkels und der Sau, und der zufällige Effekt des n-ten Wurfes der Sau, für diese Effekte schätzen sie 0,011, 0,020 und 0,018. Sie kommen zu dem Schluss, dass eine alleinige Selektion nach der Wurfgröße das durchschnittliche Wurfgewicht reduziert und die Streuung im Wurf ansteigen lässt und dass eine Kombination der Merkmale Wurfgröße und durchschnittliches Wurfgewicht eine günstigere Selektion möglich machen könnte ohne die Mortalität der Ferkel im Wurf zu erhöhen (TÄUBERT et al., 2003).

KNOL und BERGSMAN haben den Einfluss des Vaters bzw. der Vaterlinie auf die Ferkelverluste während der Sägezeit und das Ansteigen des Geburtsgewichtes mit einem bivariaten Vater-Mutter Modell untersucht. Für den Einfluss auf das Überleben der Ferkel haben sie Heritabilitäten für Vater und Mutter von 0,01 und 0,02 und auf das Geburtsgewicht von 0,01 und 0,17 geschätzt. Sie kommen damit zu dem Ergebnis, dass der Einfluss der Mutter auf die Ferkel höher ist als der des Vaters (KNOL und BERGSMAN, 2003).

HERMESH et al. schätzen in ihrer Arbeit „Estimation of variance components for individual piglet weights at birth and 14 days of age“ Werte für den Wurfefekt und für den maternalen Effekt von

0,10 und 0,23 für das individuelle Geburtsgewicht, für das individuelle 14-Tagegewicht finden sie für diese Effekte 0,22 und 0,13. Heritabilitäten berechnen sie für das individuelle Geburtsgewicht und das 14-Tagegewicht von 0,03 und 0,04. Sie prüfen mehrere Modelle und kommen zu dem Ergebnis, dass der direkte additive Effekt weniger Bedeutung hat, als der maternale und der Wurfefekt und schließen daraus, dass das individuelle Geburtsgewicht für eine genetische Aufbesserung des Ferkelwachstums nicht nutzbar ist (HERMESH et al., 2001 a).

Die gleichen Autoren berechnen in einer anderen Arbeit genetische Parameter für Wurfmerkmale. Für das durchschnittliche Geburtsgewicht im Wurf schätzen sie die Heritabilität auf 0,31 und für die dazugehörige Streuung auf 0,11. Sie sagen, dass das durchschnittliche Geburtsgewicht im Wurf als Kriterium mit der Wurfgröße in die Selektionsprogramme hinzugenommen werden soll, um die Ferkelsterblichkeit während der Säugetzeit zu reduzieren und die Geburtsgewichte der Ferkel zu erhöhen (HERMESH et al., 2001 b).

3 Material und Methode

Für die Datenerfassung im Zeitraum vom 9. Juli 2004 bis zum 29. Juli 2005 stand der Zuchtsauenbestand der Rasse DL eines sächsischen Zuchtbetriebes zur Verfügung. In der Regel wurden wöchentlich circa 40 Würfe gewogen. Davon wurden bei 20 Würfen die Geburtsgewichte und 21 Tage später die jeweiligen 21-Tagegewichte von den entsprechenden Würfen erfasst.

3.1 Verfahrensbeschreibung

Für die Wägungen wurde eine Tischwaage genutzt, die mit einem separaten Eingabeterminal gekoppelt werden kann. Vor dem Wiegen des Wurfes wurden die Mutternummer und die Wurfnummer eingegeben. Nach der Eingabe der Spitzennummer des Ferkels wurde das Gewicht automatisch erfasst. Alle Ferkel wurden einzeln gewogen. Grundsätzlich ist es möglich weitere Informationen zum Wurf über das Terminal zu erfassen. Nach Abschluss aller Wägungen wurden die Daten aus dem Terminal ausgelesen und mit einem speziellen Programm die ausgelesene Datei so aufbereitet, dass sie nach Übersendung per E-Mail an die Herdbuchstelle in das Herdbuchsystem eingelesen werden konnten. Nach der Zuordnung und der Plausibilitätsprüfung standen die Daten dann der statistischen Analyse zur Verfügung (Abb. 1).

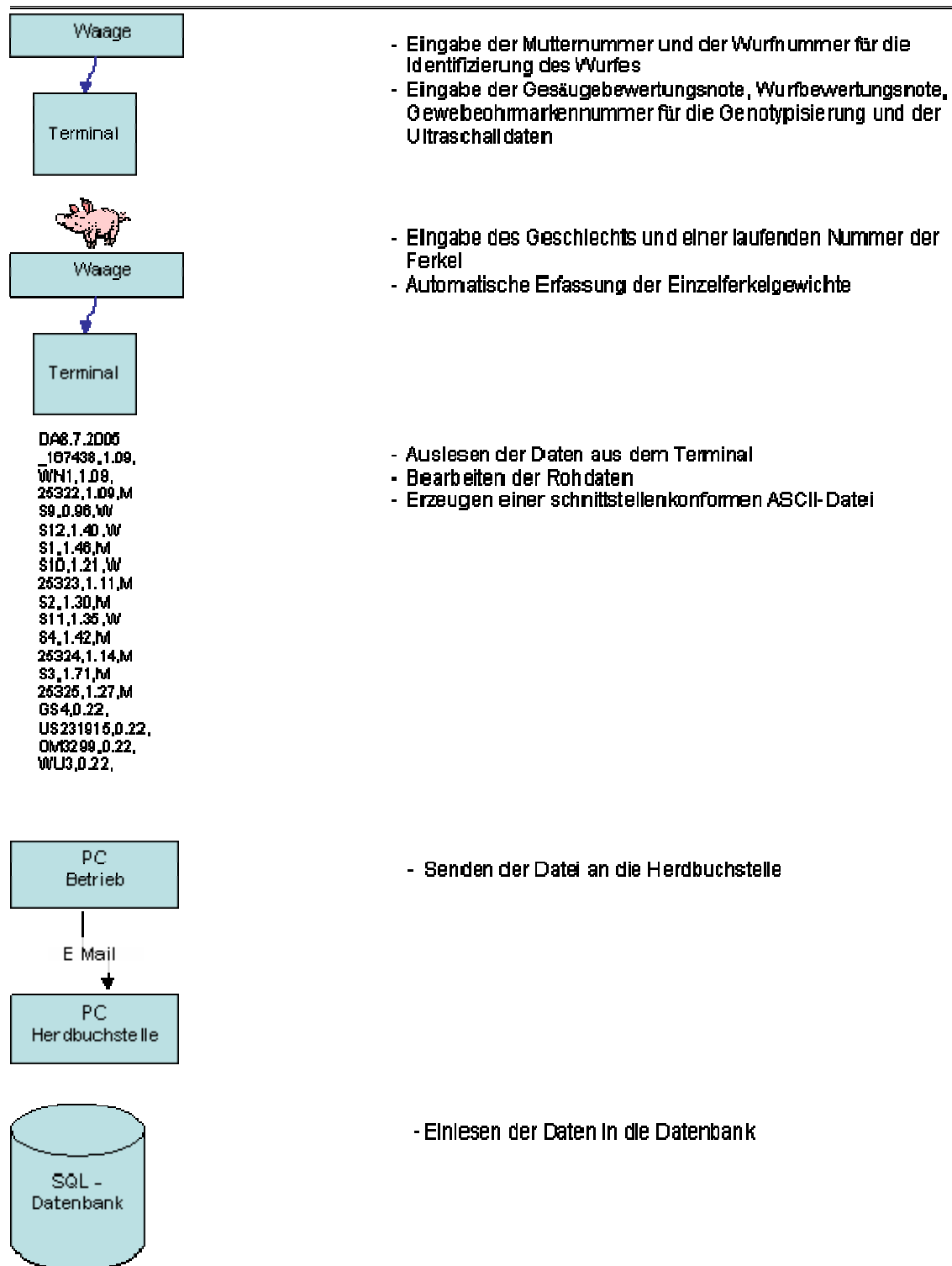


Abbildung 1: Verfahrensbeschreibung

3.2 Beschreibung der Merkmale und Faktoren

Im Rahmen des Versuches wurden zum Zeitpunkt der Geburt und 21 Tage nach der Geburt verschiedene Merkmale an der Sau, am Ferkel und am Wurf erfasst. An der Sau wurde das Gesäuge benotet (1 - schlecht ... 5 - sehr gut) und mittels Ultraschall die Speckauflage ermittelt. Gleichzeitig wurde eine Gewebeprobe entnommen. Der Wurf wurde visuell benotet (1 - schlecht ... 5 - sehr gut) (s. Anlage). Die Ferkel wurden gekennzeichnet und einzeln gewogen. Nach 21 Tagen wurde die gesamte Prozedur wiederholt. Aus den gemessenen Gewichten wurden weitere Merkmale generiert:

Merkmale

Geburtsgewicht (FGG) in kg	- individuelles Geburtsgewicht der einzelnen Ferkel
Absetzgewicht (FAG)	- individuelles Absetzgewicht (21 Tagegewicht) der einzelnen Ferkel in kg
Insgesamt geborene Ferkel (igF)	- alle lebenden und toten Ferkel einschließlich Mummien und Missgeburten
Lebend geborene Ferkel (lgF)	- alle Ferkel, die nach Abschluss der Geburt leben
Mittleres Geburtsgewicht (MWGG) im Wurf in kg	- Mittelwert der durchschnittlichen Geburtsgewichte
Streuung der Geburtsgewichte (SWGG)	- Mittelwert der durchschnittlichen Streuung der Geburtsgewichte im Wurf in kg
Summe der Geburtsgewichte (SuWGG) Wurf in kg	- Mittelwert der Summen der Geburtsgewichte je
Mittleres Absetzgewicht (MWAG)	- Mittelwert der durchschnittlichen Absetzgewichte (21- Tagegewichte) im Wurf in kg
Streuung der Absetzgewichte (SWAG)	- Mittelwert der durchschnittlichen Streuung der Absetzgewichte (21-Tagegewichte) im Wurf in kg
Summe der Absetzgewichte (SuWAG)	- Mittelwert der durchschnittlichen Absetzgewichte (21- Tagegewichte) je Wurf in kg
Gesäugebewertung (GS)	- Bewertung des Gesäuges der Sau nach der Geburt und nach 21 Tagen (siehe unten)
Wurfbewertung (WU) 21 Tagen	- Bewertung des Wurfes nach der Geburt und nach (siehe unten)
Säugetagszunahmen (STZ)	- Berechnung der Zunahmen der Ferkel während der Sägezeit aus den 21-Tagegewichten und den Geburtsgewichten

Zusätzlich zu den Merkmalen wurden eine Reihe anderer Informationen erfasst, um in den biostatistischen Modellen die genetischen Effekt um diese Faktoren bereinigen zu können:

Fixe Faktoren

Wurfnummer (WN)	- Nummer des Wurfes der Sau
Stall	- Abferkelstall (9 Abferkelställe)
Saison	- das Jahr eingeteilt in Quartale (II-IV, V-VII, VIII-X, XI-I)
Rasse	- variiert in der Rasse des Anpaarungsbebers DL
oder DE	(immer DL Sauen)
Geschlecht	- Geschlecht der Ferkel
Angesetzt	- Wurfausgleich (dazu oder weg gesetzte Ferkel)

Kovariablen

Insgesamt geborene Ferkel (igF)	- alle lebend geborenen Ferkel einschließlich der Totgeburten
Alter ‚Geburt‘ (Alter Geb.)	- Alter der Ferkel zum Wiegetermin des Geburtsgewichtes (0-6 Tage)
Alter ‚21. Tag‘ (Alter 21)	- Alter der Ferkel zum Wiegetermin des 21 Tagegewichtes (+ 0-6 Tage)
Futtertage (Ft)	- Summe der Tage die Ferkel von der Sau gesäugt wurden unter Berücksichtigung der Verluste, als Ausdruck für Konkurrenz (siehe Abbildung 2)
Ultraschall Geb. (USG)	- Ultraschallmessung der Fettauflage nach der Dreipunktemethode mit dem Lean-Meater nach der Geburt als Maß für die Kondition der Sau
Ultraschall 21 (USA)	- Ultraschallmessung der Fettauflage nach der Dreipunktemethode mit dem Lean-Meater nach 21 Tagen als Maß für die Kondition der Sau
Geschlechtsverhältnis (Geschl.-verh.)	- Anteil männlicher Ferkel im Wurf

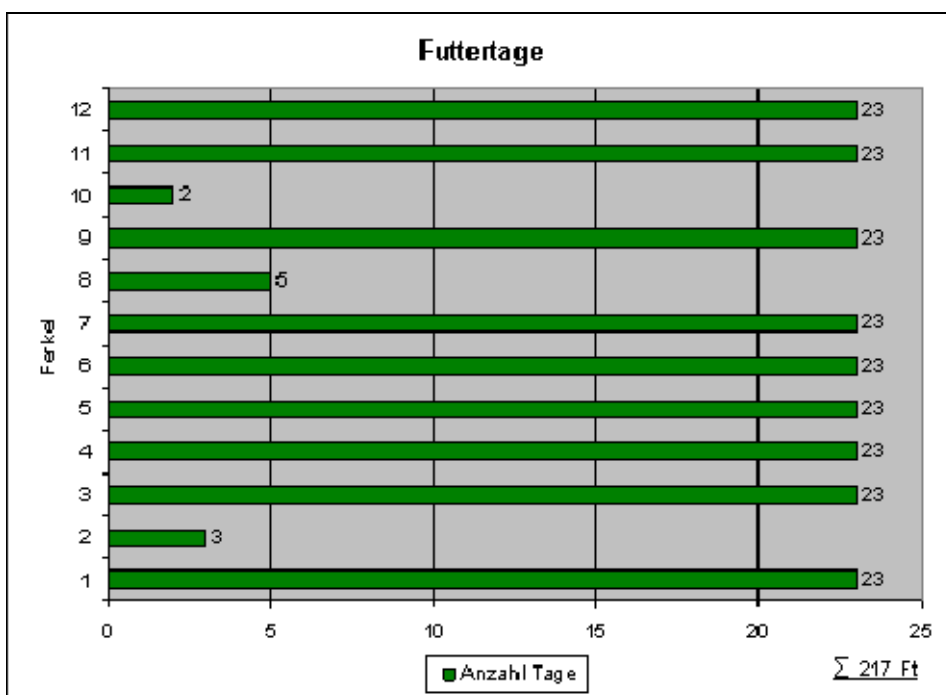


Abbildung 2: Beispiel zur Berechnung der Futtertage

Mit dem Merkmal ‚Futtertage‘ wird unterstellt, dass Ferkel besser wachsen, wenn eine Sau während der Sägezeit wenig Ferkel im Wurf hat. Das Merkmal ist die Summe aller Tage über alle Ferkel hinweg, die diese an der Sau verbracht haben. Je höher der Wert ist, desto höher ist die Leistung der Sau zu bewerten.

3.3 Übersicht über die Rohdaten

Tabelle 1: Allgemeine Angaben zur Geburt

	Anzahl
Würfe	1 010
Sauen	769
Ferkel der Sauen	11 647
Totgeburten	207
Anomalien	58
Würfe ohne Wurfausgleich	326

In dem Projekt wurden von insgesamt 1 010 Würfen die Geburtsgewichte erfasst (Tabelle 1). Diese Würfe wurden von 769 Sauen geboren. Von einem knappen Drittel der Sauen konnten damit zwei Würfe ausgewertet werden. Insgesamt warfen diese Sauen 11 647 Ferkel, hatten 207 Totgeburten und 58 Ferkel mit erfassten Anomalien. Die Würfe sind aufgrund des Wurfausgleiches differenziert zu betrachten, weil 684 Würfe ausgeglichen wurden und 326 nicht.

Für die Auswertung sind die Daten, die zur Geburt bzw. zum Absetzen erfasst werden zu unterscheiden. Während für die zum geburtsnahen Zeitpunkt gemessenen Merkmale nur eigene Ferkel berücksichtigt werden, umfassen die zum 21. Tag gemessenen Merkmale die eigenen im Wurf verbliebenen Ferkel sowie die zugesetzten fremden Ferkel. Ferkel, die von der Sau weggesetzt wurden, werden für die Auswertungen der Säugezeit nicht betrachtet.

Tabelle 2: Allgemeine Angaben zur Aufzucht (21 Tage)

	Anzahl
Würfe	938
Sauen	725
Ferkel an den Sauen	12 141
Anomalien	55
Würfe ohne Wurfausgleich	300
Würfe mit Wurfausgleich	638

Die 21-Tagegewichte wurden an Ferkeln aus 938 Würfen erhoben, die von 725 Sauen geboren wurden. Ausgehend von den 938 Würfen gibt es 300 Würfe ohne Wurfausgleich und 638 mit Wurfausgleich.

Tabelle 3: Allgemeine Angaben zur Anpaarung

	Anzahl
Reinzuchtanpaarung (RZ)	714
RZ 1. Wurf	80
RZ 2.-5. Wurf	518
RZ >5. Wurf	116
Kreuzungsanpaarung (KZ)	296
Sauen RZ-anpaarungen	686
Sauen KZ-anpaarungen	296
eingesetzte DL Eber	33
Eingesetzte DE Eber	27

Von den 1 010 Würfen sind 714 Reinzuchtwürfe, davon haben 80 die Wurfnummer 1, 518 Würfe sind 2. - 5. Wurf und 116 Würfe sind der 6. Wurf und größer. 296 Würfe sind Kreuzungsanpaarung.

Insgesamt wurden 33 DL Eber und 27 DE Eber zur Anpaarung eingesetzt (siehe Abbildung 3). 686 Sauen wurden in Reinzucht mit einem DL Eber angepaart und 296 Sauen mit einem DE Eber. Die Differenz zu der Anzahl Würfe zwischen erster und zweiter Säule entsteht, weil Sauen

wiederholt im Wiegezeitraum abgeferkelt haben. Aus der mittleren Säule geht hervor, dass ‚Sauenwiederholungen‘ nur in den Reinzuchtanpaarungen vorkommen.

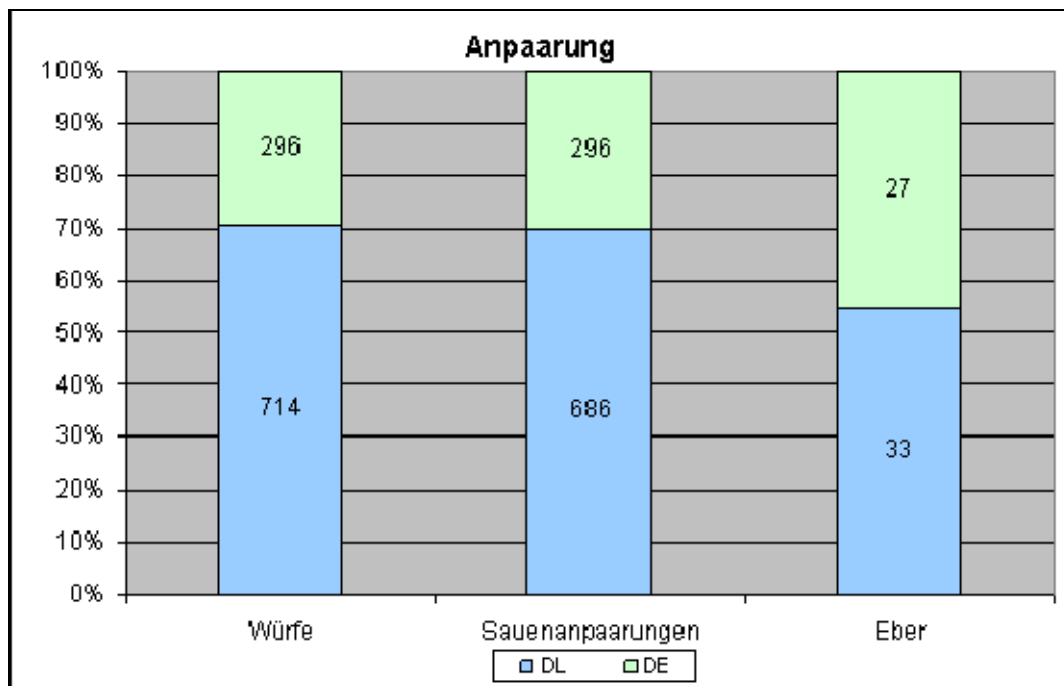


Abbildung 3: Anpaarungssituation

Die statistischen Maßzahlen in Tabelle 4 geben einen ersten Überblick über die erfassten Merkmale. In den 1010 Würfen wurden im Schnitt 11,5 Ferkel mit 1,6 kg lebend geboren. Das durchschnittliche 21-Tagegewicht liegt bei 6,31 kg und die Säugezunahmen bei 221 g. Die Streuungen der Gewichte steigen mit zunehmendem Alter.

Tabelle 4: Statistische Maßzahlen für untersuchte Merkmale

	Anzahl	Mittelwert	Standardabweichung	Minimum	Maximum
Sau					
Geburt					
IgF	1 010	11,5	2,2	3	19
MWGG	1 010	1,60	0,25	0,76	2,59
SWGG	1 010	0,29	0,09	0,08	0,63
SuWGG	1 010	17,14	4,01	4,17	33,08
Wurfbewertung	366	3,09	0,75	1	5
Gesäugebewertung	312	3,63	0,73	1	5
21.Tag					
MWAG	938	6,31	0,80	3,56	9,02

	Anzahl	Mittelwert	Standardabweichung	Minimum	Maximum
SWAG	938	1,19	0,39	0,35	3,05
SuWAG	938	65,82	11,77	28,48	93,99
Wurfbewertung	366	3,06	0,83	1	5
Gesäugebewertung	612	2,98	0,77	1	5
STZ	936	221	34	108	332
Ferkel					
FGG	10 931	1,58	0,37	0,52	3,05
FAG	9 800	6,30	1,42	1,68	11,6
STZ	9 758	220	60	12	461

Die Wurfbewertung fiel nach 21 Tagen minimal geringer aus, während das Abfallen der Bewertung des Gesäuges deutlicher die Beanspruchung während der Säugezeit widerspiegelt. Die individuellen Gewichte ähneln im Mittelwert dem Durchschnitt der Würfe, jedoch fällt die Streuung höher aus, da mehr Daten zusammenfließen.

Es wurden mit 52 % mehr männliche als weibliche Ferkel geboren. In Tabelle 5 sind alle gewogenen Ferkel nach männlich und weiblich unterteilt. Die weiblichen Ferkel sind im Durchschnitt nach der Geburt 50 g und nach 21 Tagen 120 g leichter. Die Streuungen sind zwischen den Geschlechtern nicht unterschiedlich. Bei den männlichen Ferkeln sind 0,8 % höhere Verluste zu verzeichnen gewesen.

Tabelle 5: Gewichte, Streuungen und Verluste der männlichen und weiblichen Ferkel

	MWGG	SWGG	MWAG	SWAG	Verluste
	[kg]	[kg]	[kg]	[kg]	[%]
Männlich	1,61	0,37	6,36	1,42	4,6
Weiblich	1,56	0,37	6,24	1,42	3,8
Gesamt	1,58	0,37	6,30	1,42	11,5*

* Anteil männlicher und weiblicher und Ferkel ohne Geschlechtsangaben

Von 1 010 Würfen sind 113 Jungsauenwürfen. Die Sauen mit einem zweiten bzw. dritten Wurf sind anteilmäßig am stärksten in der Untersuchung vertreten, 49 % der Sauen sind 3. bis 5. Wurf (Abbildung 4).

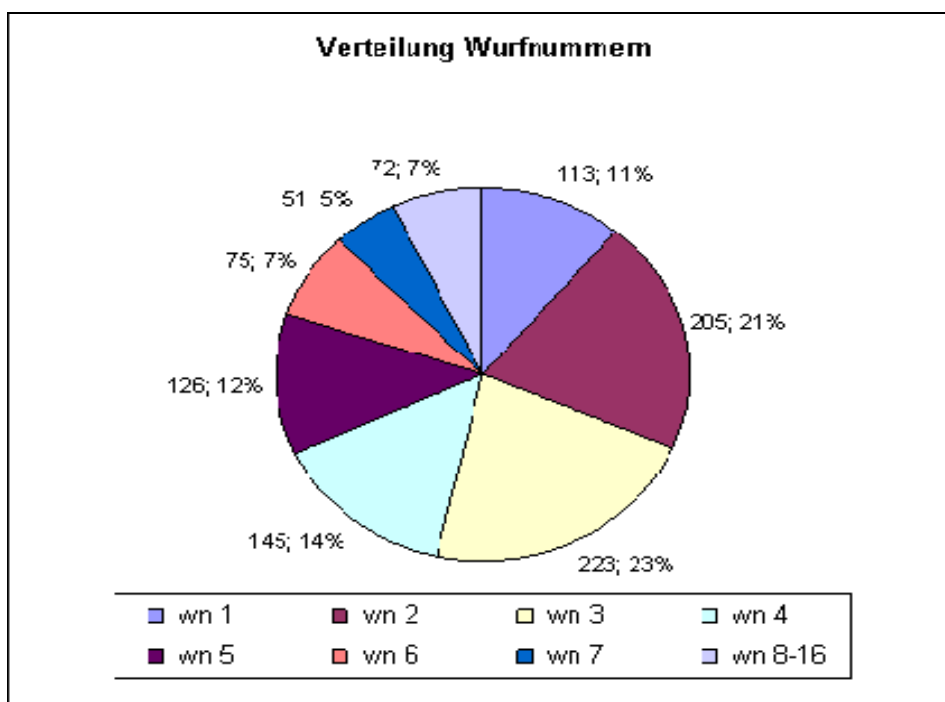


Abbildung 4: Anzahl Würfe pro Wurfnummern

Die meisten Ferkel wurden im 5. Wurf geboren. Im 3. Wurf waren die Geburtsgewichte am höchsten und im 1. Wurf am niedrigsten und hatten dort die größte Streuung mit 0,25 kg. Die höchsten 21-Tagegewichte waren im 4. Wurf, wo sie auch am meisten streuten (6,52 kg, 0,87 kg), während sie im 1. Wurf am niedrigsten waren (5,74 kg). Die Säugetagszunahmen waren außer der Reihe im 7. Wurf am höchsten (261 g) und streuten am geringsten (26,7 g) nachfolgend hat der 4. Wurf die höchsten Zunahmen (233 g), aber auch mit 37,6 g die höchste Streuung, am niedrigsten waren die Säugetagszunahmen im 1. Wurf (Tabelle 6).

Tabelle 6: Einteilung der Würfe nach Wurfnummern

WN	Ø IgF	Streuung IgF	MWGG [kg]	SWGG [kg]	MWAG [kg]	SWAG [kg]	STZ [g]	Streuung STZ [g]
1	10,8	1,7	1,45	0,25	5,74	0,74	204	31,5
2	11,8	2,2	1,61	0,24	6,30	0,72	223	31,6
3	11,7	2,4	1,62	0,24	6,48	0,82	231	35,3
4	11,7	2,3	1,61	0,24	6,52	0,87	233	37,6
5	12,0	2,2	1,60	0,21	6,36	0,78	226	34,7
6	11,6	2,0	1,60	0,22	6,36	0,75	227	33,8
7	11,4	2,2	1,57	0,18	6,42	0,55	261	26,7
8-16	10,9	2,0	1,57	0,23	6,07	0,77	214	34,4

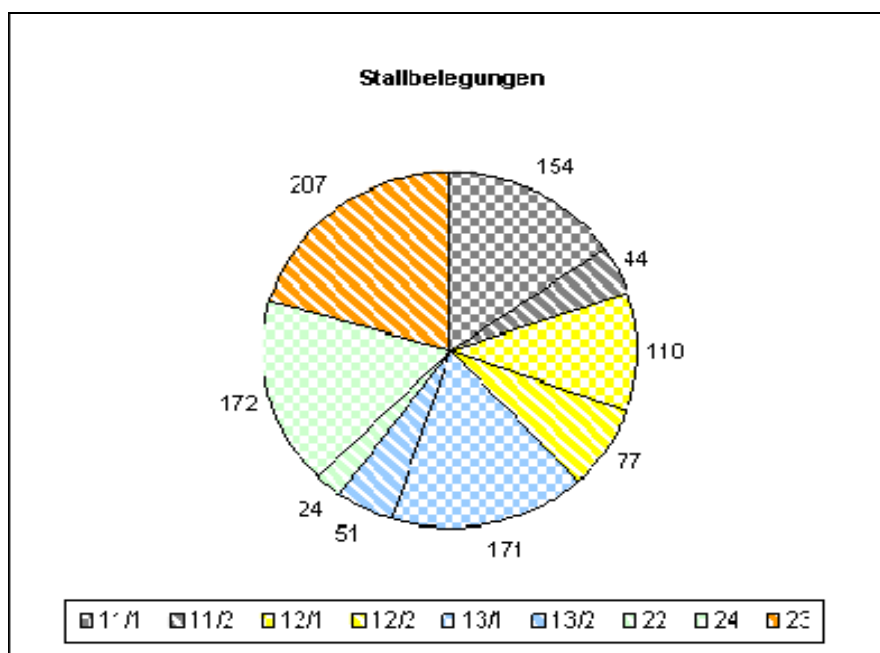


Abbildung 5: Anzahl Würfe pro Stall

Abbildung 5 zeigt, wie viele Würfe in den jeweiligen Ställen erfasst wurden. Dabei ist zu beachten, dass Ställe pro Abferkelungszeitraum kombiniert sind. So sind jeweils eine Gruppe zur Abferkelung in den Ställen 11/1 & 11/2, 12/1 & 12/2, 13/1 & 13/2 und 22 & 24. In diesen Ställen sind maximal jeweils 60 Buchten. In den Ställen 11/1, 12/1, 13/1 und 24 stehen zumeist die Altsauen, während in den anderen Ställen (außer Stall 23) häufig die Jungsauen eingestallt werden. Das erklärt auch warum die Anzahl der Belegungen in diesen Ställen niedriger ist. Im Stall 23 sind insgesamt 114 Buchten, dort sind Jung- und Altsauen nur innerhalb der Buchtenanordnungen getrennt.

Tabelle 7: Einteilung der Würfe mit Gewichten und Verlusten nach Ställen

Stall	MWGG [kg]	MWAG [kg]	STZ [g]	Verluste [%]	Gemerzt [%]	Verendet [%]	Erdrückt [%]
11/1	1,61	6,09	208	11,3	2,0	4,4	4,8
11/2	1,51	5,99	209	12,1	3,9	3,6	4,7
12/1	1,63	6,59	235	11,6	2,0	4,3	5,3
12/2	1,53	6,04	214	7,9	1,6	2,9	3,4
13/1	1,61	6,23	215	11,9	2,6	3,9	5,4
13/2	1,55	5,97	202	13,9	2,7	4,2	7,0
22	1,45	6,06	217	14,5	3,9	5,4	5,3
24	1,62	6,60	231	12,0	2,9	4,8	4,2
23	1,58	6,41	229	11,4	2,8	4,4	4,2

In Tabelle 7 sind die Würfe nach den Ställen geordnet in denen sie geboren wurden. Aufgeführt sind die durchschnittlichen Geburtsgewichte, 21-Tagegewichte, Säugetagszunahmen, die Gesamtverluste und diese noch mal unterteilt in die unterschiedlichen Verlustarten ‚Gemerzt‘, ‚Verendet‘ und ‚Erdrückt‘. Die Geburtsgewichte und die 21-Tagegewichte sind in den Ställen, in denen vorwiegend Jungsauen eingestallt werden deutlich niedriger, sonst unterscheiden sie sich nur geringfügig zwischen den Ställen. Die Säugetagszunahmen sind im Stall 12/1 am höchsten (235 g), im Stall 13/2 am niedrigsten (202 g) aber mit hohen Verlusten (13,9 %) besonders Erdrückungsverluste (7,0 %). Im Stall 22 sind die meisten verendeten Ferkel, was eventuell auf die niedrigen Geburtsgewichte zurückzuführen ist.

Tabelle 8: Verlustbetrachtung bei Standflächenerhöhung der Sau

Abhängige Variable	Standfläche	untersuchte Würfe	Mittelwert	Standardfehler	Signifikanz 1%
Gesamtverluste	erhöht	513	13,5	1,1	
	nicht erhöht	497	11,3	0,7	
verendete %	erhöht	513	4,0	0,7	
	nicht erhöht	497	4,0	0,4	
gemerzte %	erhöht	513	4,4	0,5	a
	nicht erhöht	497	2,4	0,3	b
erdrückte %	erhöht	513	5,0	0,7	
	nicht erhöht	497	4,9	0,4	

* unter Berücksichtigung der Wurfnummer der Sauen

In den Ställen unterscheidet sich die Fußbodengestaltung in den Abferkelbuchten. In einigen Ställen ist die Standfläche im Ferkelschutzkorb um etwa 4 cm erhöht. Die Klassenverteilung zwischen erhöhter und nicht erhöhter Standfläche ist annähernd gleich. Es ist zu beobachten, dass eine Erhöhung der Standfläche zu einem Anstieg der Verluste führt, speziell steigt der Anteil der gemerzten Ferkel von 2,4% auf 4,4%. Gemerzt werden Ferkel vorwiegend wegen Untergewichtigkeit, Kümmern oder unheilbaren Krankheiten oder Verletzungen (Tabelle 8).

3.4 Modelle

Für die aufgeführten Merkmale wurden genetische Parameter mit linearen Modellen geschätzt.

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + Z_3p + e$$

Dabei ist y der Vektor der Beobachtungen (Merkmal), b der Vektor der fixen Effekte und Kovariablen, a ist der Tiereffekt, m der maternale Effekt, p der permanente Umwelteffekt bzw. Wurf-Umwelteffekt und e der Rest. X und Z_{1-3} sind die entsprechenden Design-Matrizen. Die Modelle sind eingeteilt für Sau/Wurf- und für Ferkelmerkmale. Sau/Wurf - Merkmale sind die Anzahl lebend geborener Ferkel, die Mittelwerte der Gewichte je Wurf zu den beiden Zeitpunkten und die dazugehörige Streuung. Für die Ferkelmodelle gelten die individuellen Gewichte nach der Geburt und nach 21 Tagen als Merkmal. Auf die einzelnen Merkmale haben unterschiedliche Fak-

toren Einfluss. Bei den Ferkelmodellen sind je nach Zeitpunkt die Wurfnummer der Sau, die Saison in Quartalen, die Rasse des angepaarten Ebers (Eberrasse), das Geschlecht, der Standort während der Säugezeit (Stall) und ob das Ferkel angesetzt worden ist, als fixe Faktoren benannt. Kovariablen für das individuelle Geburtsgewicht sind die Anzahl insgesamt geborener Ferkel und das Alter der Ferkel zum Wiegezeitpunkt des Geburtsgewichtes. Für das individuelle 21-Tagegewicht zählen ebenfalls das Alter der Ferkel und dazu die Futtertage als Kovariablen.

Tabelle 9: Ferkelmodelle

y =	Xb (Fix)	+ Kov.)	Z_{1a} +	Z_{2m} +	Z_{3p} +	e
Ferkel Ferkelgewicht Geb.	Wurfnummer Saison Eberrasse Geschlecht	igF Alter Geb.	Ferkel	Sau	Sau * Wurf	
Ferkel Ferkelgewicht 21	Wurfnummer Saison Eberrasse Geschlecht Stall Angesetzt	Alter 21 Futtertage	Ferkel	Sau	Sau * Wurf	

Für die Sau/Wurf-Modelle gelten für alle Merkmale die fixen Faktoren Wurfnummer, Saison. Für die geburtsbezogenen Merkmale IgF, MWGG und SWGG kommt die Eberrasse als fixer Faktor hinzu und bei MWAG und SWAG der Stall. Die Kovariablen unterscheiden sich bei den Merkmalen. Für die Anzahl lebend geborener Ferkel kommt der Ultraschallwert zur Geburt dazu. Bei MWGG und SWGG sind Kovariablen insgesamt geborene Ferkel, das Geschlechtsverhältnis, das Alter der Ferkel und der Ultraschallwert zur Geburt. Für MWAG und SWAG zählen auch das Geschlechtsverhältnis, das Alter und der Ultraschallwert zum Zeitpunkt der 21-Tagegewichtserfassung und die Futtertage als Kovariable. In den Modellen wird der additiv-genetische Effekt für das Ferkel bzw. bei den Wurfmerkmalen für die Sau berechnet. Die weiteren zufälligen Effekte sind der Maternaleffekt und der permanente Umwelteffekt bei den Ferkelmodellen und bei den Sau/Wurfmodellen der Wurfumwelteffekt. Die genetischen Parameter wurden mit dem Programm VCE Version 5 geschätzt (Groeneveld, 2003).

Tabelle 10: Sau/Wurfmodelle

y =	Xb (Fix)	+ (Kov.)	Z_{1a}	+	Z_{2m}	+	Z_{3p}	+	e
Sau/Wurf									
lgF	Wurfnummer Saison Eberasse	Ultraschall Geb.	Sau	-			Sau		
Mittelw. Gewicht Geb. Streuung Gewicht Geb.	Wurfnummer Saison Eberasse	igF Geschl.-verh. Alter Geb. Ultraschall Geb.	Sau	-			Sau		
Mittelwert Gewicht 21 Streuung Gewicht 21	Wurfnummer Saison Stall	Futtermenge Geschl.-verh. Alter 21 Ultraschall 21	Sau	-			Sau		

4 Ergebnisse und Diskussion

4.1 Einfluss der fixen Faktoren

In Vorbereitung der Modellevaluierung wurden alle definierten fixen Faktoren hinsichtlich ihres Einflusses auf ein Merkmal untersucht (Tabelle 11). Die Saison hat auf das mittlere Geburtsgewicht, die Streuung der Geburtsgewichte im Wurf und die Wurfbewertung keinen Einfluss, während sie auf die anderen Merkmale hochsignifikant wirkt. Gruppe/Stall, Eberasse, Ultraschall und Geschlechtsverhältnis sind nur geringfügig für die Merkmale ausschlaggebend. Dagegen haben die Wurfnnummer und das Alter der Ferkel deutlichen Einfluss. Die Futtermenge wirken sich nicht auf die Streuung der 21-Tagegewichte und auf die Wurfbewertung aus. Jedoch sind sie hochsignifikant für die Gewichte und die Säuge tagszunahme und auch die Gesäugebewertung.

Tabelle 11: Signifikanztest zwischen Merkmalen der Sau und Kovariablen

Merkmal	Saison	Gruppe / Stall	WN	Eberrasse	igF	Ultraschall	Geschl.- verh.	Alter	Futter- tage
Geburt									
igF	***	-	**			**			
tgF	***	***	**			n.s.			
IgF	***	n.s.	***	*		**			
MWGG	n.s.	n.s.	***	n.s.	n.s.	n.s.	*	***	
SWGG	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	*	n.s.	***	
SuWGG	***	n.s.	***	*	***	n.s.	***	***	
Wurfbewertung	n.s.	n.s.	*	n.s.	-	*	n.s.	n.s.	
Gesäugebewertung	**	n.s.	*	n.s.	-	n.s.	n.s.	n.s.	
21. Tag									
MWAG	***	***	***	n.s.	-	n.s.	n.s.	***	***
SWAG	**	n.s.	***	*	-	n.s.	n.s.	***	n.s.
SuWAG	***	n.s.	***	*	-	n.s.	n.s.	***	***
Wurfbewertung	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	-	n.s.	-	-	n.s.
Gesäuge-bewertung	***	n.s.	***	n.s.	-	*	-	-	**
Säuetagszunahmen	***	***	***	n.s.	-	n.s.	n.s.	n.s.	***
n.s.	nicht signifikant								
*	p< 0,05								
**	p< 0,01								
***	p< 0,001								

Auf die individuellen Gewichte und Zunahmen wirken sich fast alle Effekte hochsignifikant aus, nur die Eberrasse hat auf das einzelne Geburtsgewicht keinen Einfluss (siehe Tabelle 12).

Tabelle 12: Signifikanztest zwischen Merkmalen des Ferkels und Kovariablen

Merkmal	Saison	Gruppe	WN	Eberrasse	Geschlecht
FGG	***	***	***	n.s.	***
FAG	***	***	***	***	***
Säuetagszunahme	***	***	***	***	***
n.s.	nicht signifikant				
*	p< 0,05				
**	p< 0,01				
***	p< 0,001				

Die Korrelationen zwischen den Kovariablen und den Merkmalen sind in Tabelle 13 dargestellt. Ein signifikant negativer Zusammenhang von Ultraschall besteht zu igF und IgF und ein positiver zur Summe der 21-Tagegewichte. Das Alter korreliert mit allen Gewichtsmerkmalen signifikant positiv und mit den Säugezunahmen signifikant negativ. Zu den Geburtsgewichtsmerkmalen

len ist ein engerer Zusammenhang. Die Korrelationen der Futtertage mit den Merkmalen zum 21. Tag sind bedingt signifikant. Die ausgeprägte negative Korrelation zu den Säugetagszunahmen verdeutlicht den Einfluss der Konkurrenz auf das einzelne Ferkel.

Tabelle 13: Korrelationen von Kovariablen auf die untersuchten Merkmale

	Ultraschall	Alter	Futtertage
Geburt			
igF	-0,089**	0,039	-
tgF	0,042	0,005	-
IgF	-0,101**	0,038	-
MWGG	0,023	0,355**	-
SWGG	0,052	0,212**	-
SuWGG	-0,059	0,201**	-
Wurfbewertung	-0,081	0,048	-
Gesäugebewertung	0,0	-0,006	-
21. Tag			
MWAG	0,052	0,116**	-0,076*
SWAG	0,127**	0,116**	0,056
SuWAG	-0,053	0,121**	0,550**
Wurfbewertung	-0,085	-0,016	0,041
Gesäugebewertung	0,027	-0,065	0,122**
Säugetagszunahmen	0,066	-0,233**	-0,307**
* p < 0,05			
** p < 0,01			

4.2 Parameterschätzergebnisse

Für die Sau/Wurf-Modelle sind folgende Parameterschätzergebnisse mit einem 5-Merkmalsmodell erzielt worden. In der fettgedruckten Diagonale stehen die Heritabilitäten für die einzelnen Merkmale, in der oberen Dreiecksmatrix sind die **phänotypischen Korrelationen** und in der unteren Dreiecksmatrix die **genetischen Korrelationen mit Streuungen** enthalten.

Tabelle 14: Parameterschätzergebnisse der Sau/Wurfmodelle (phänotypisch Korrelationen in der obere Dreiecksmatrix; Heritabilitäten in der Diagonalen, genetische Korrelationen in der unteren Dreiecksmatrix)

lgF		MWGG		SWGG		MWAG		SWAG
0,028	±0,012	-0,322		- 0,164		-0,061		0,022
-0,125	±0,274	0,158	±0,037	0,079		0,002		0,006
0,802	±0,221	0,228	±0,126	0,232	±0,031	0,006		0,002
-0,153	±0,245	0,307	±0,148	0,333	±0,108	0,167	± 0,041	0,011
0,441	±0,109	0,245	±0,127	0,512	±0,092	0,611	±0,150	0,154 ±0,029

Die Erbllichkeit für die Anzahl lebend geborener Ferkel ist mit 0,028 gering, ist jedoch mit den in der Literatur zu findenden Spanne der Werte von 0,02 bis 0,2 (KLEINWÄCHTER et al., 2004) nicht im Widerspruch. Die negative phänotypische Korrelation zwischen den lebend geborenen Ferkeln und den Gewichten im Wurf stimmt mit den Erwartungen überein. Entsprechend zu den phänotypischen Korrelationen sind die genetischen Korrelationen auch negativ. Sie fallen für den Mittelwert des Geburtsgewichtes höher aus, nehmen aber mit steigendem Alter etwas zu, während die phänotypischen Korrelationen abnehmen. Das heißt also, dass die Anzahl lebend geborener Ferkel genetisch mit dem 21-Tagegewicht enger verbunden ist als mit dem Geburtsgewicht. Umgekehrt ist die genetische Korrelation der Streuung der Gewichte zu der Anzahl lebend geborener Ferkel. Die Korrelation mit der Streuung der Geburtsgewichte ist sehr hoch und mit 0,802 fast doppelt so hoch als die mit dem 21-Tagegewicht bei 0,441.

Die Heritabilitäten für die Wurfgewichtsmerkmale fallen entscheidend höher aus. Die Erbllichkeit der Gewichte steigt gering bei zunehmendem Alter von 0,158 zur Geburt bis 0,167 nach 21 Tagen. Hingegen nehmen die Heritabilitäten für die Streuung der Gewichte mit der Zeit ab (SWGG = 0,232, SWAG = 0,154). Bei KISNER et al. sind die geschätzten Werte für die Streuungen und auch für das mittlere Absetzgewicht deutlich niedriger. Nur für das mittlere Geburtsgewicht wurde die Heritabilität mit 0,229 größer geschätzt (KISNER et al., 1996). TÄUBERT hingegen hat eine höhere Heritabilität für das Geburtsgewicht und eine niedrigere für die Streuung (0,354, 0,104) berechnet (TÄUBERT et al., 2003).

Die genetische Korrelation vom Mittelwert des Geburtsgewichtes zum Mittelwert des 21-Tagegewichtes liegt bei 0,307, was den Begriff „Startkapital“ untermauert. Die genetischen Zusammenhänge von den Gewichten zu ihren Streuungen sind positiv ausgeprägt, vor allem bei dem 21-Tagegewicht fällt der Zusammenhang mit 0,611 sehr stark aus (Geburtsgewicht = 0,228). Dies zeigt den Zusammenhang zwischen steigenden Gewichten und zunehmenden Streuungen der Gewichte, die Würfe werden unausgeglichener.

Weil bei der Höhe der Heritabilitäten der Wurfgewichte der additiv-genetische Effekt sowohl von der Sau als auch von den Ferkeln stammen könnte, wurden im folgenden die individuellen Ferkelgewichte in einem 2-Merkmalsmodell untersucht. In Tabelle 15, Tabelle 16 und Tabelle 17 sind fettgedruckt die Heritabilitäten aufgeführt und in der oberen Dreiecksmatrix die **genetischen Korrelationen mit Streuungen**.

Tabelle 15: Ferkelmodell: additiv-genetischer Effekt (Ferkelgewicht)

additiv-genetisch (h^2)			
Geburt		21.Tag	
0,089	$\pm 0,007$	0,857	$\pm 0,06$
		0,059	$\pm 0,02$

Im Gegensatz zu den Heritabilitäten der Wurfgewichte sind bei den individuellen Gewichten die Werte niedriger. Die Erblichkeit für das individuelle Geburtsgewicht beträgt 0,089 und für das individuelle 21-Tagegewicht 0,059. Die genetische Korrelation der Gewichte zueinander ist mit 0,857 sehr hoch. Bei der diesjährigen DGfZ - Tagung in Berlin wurde von Frau HELLBRÜGGE von der Universität Kiel der gleiche Heritabilitätswert für das individuelle Geburtsgewicht (0,08) vorgetragen. Ihre Berechnungen hatten Hülsenberger Zuchtschweine als Grundlage. Für den maternalen Effekt auf das Geburtsgewicht erzielte sie allerdings mit 0,20 einen wesentlich höheren Schätzwert als bei den vorliegenden Berechnungen aus unserem Projekt. Hier liegt der maternale Effekt auf das Geburtsgewicht bei 0,015 und auf das 21-Tagegewicht bei 0,040. Der genetische Zusammenhang ist mit 0,572 als eng anzusehen.

Tabelle 16: Ferkelmodell: maternaler Effekt (Ferkelgewicht)

maternal (m^2)			
Geburt		21.Tag	
0,015	$\pm 0,002$	0,572	$\pm 0,005$
		0,040	$\pm 0,010$

In der Literatur sind die Heritabilitäten der individuellen Ferkelgewichte auch in dieser Größenordnung zu finden 0,01 – 0,15. Jedoch sind bei dem maternalen Effekt die Werte aus der Literatur zum Teil etwas höher 0,15 – 0,22 (vgl. RÖHE, 2004). TÄUBERT dagegen hat einen niedrigeren Wert für den additiv-genetischen Effekt, beim maternalen Effekt ähneln sich die Werte.

Tabelle 17: Ferkelmodell: permanenter Umwelteffekt (Ferkelgewicht)

perm. Umwelt (c^2)			
Geburt		21.Tag	
0,121	$\pm 0,008$	0,213	$\pm 0,048$
		0,126	$\pm 0,010$

Der permanente Umwelteffekt ist bei dem individuellen Geburtsgewicht und dem individuellen 21-Tagegewicht annähernd gleich.

In Tabelle 18 und Tabelle 19 sind **die genetischen Parameter für die Merkmale ausgewiesen**. Sie wurden in Einmerkmalsmodellen geschätzt. ‚Ratio‘ bezeichnet die Heritabilität. Genau wie auch bei dem 5-Merkmalsmodell fällt die Heritabilität der Anzahl lebend geborener Ferkel niedrig aus und für die Gewichtsmerkmale höher.

Tabelle 18: Genetische Parameter für Einmerkmalsmodelle (Sau)

		Additiv- genetischer Effekt	Maternaler Effekt	Permanenter Umwelteffekt	Phänotypische Varianz
		h²	m²	c²	
Geburt					
igF	Varianz	0,217		2,23	4,68
	Ratio	0,046		0,476	
	Fehler	0,027		0,0227	
IgF	Varianz	0,163		2,18	4,53
	Ratio	0,035		0,482	
	Fehler	0,025		0,022	
MWGG	Varianz	0,018		0,017	0,052
	Ratio	0,341		0,329	
	Fehler	0,041		0,025	
SWGG	Varianz	0,0017		0,0028	0,0059
	Ratio	0,169		0,415	
	Fehler	0,038		0,039	
SuWGG	Varianz	3,54		4,87	13,3
	Ratio	0,266		0,366	
	Fehler	0,037		0,23	
Gesäuge- bewertung	Varianz	0,057		0	0,572
	Ratio	0,100		0	
	Fehler	0,07		0	
Wurf- bewertung	Varianz	0,084		0,437	0,553
	Ratio	0,153		0	
	Fehler	0,074		0	
21. Tag					
MWAG	Varianz	0,133		0,196	0,526
	Ratio	0,2554		0,373	
	Fehler	0,043		0,026	
SWAG	Varianz	0,0375		0,0523	0,144
	Ratio	0,260		0,369	
	Fehler	0,045		0,046	
SuWAG	Varianz	17,45		31,59	80,6
	Ratio	0,216		0,391	
	Fehler	0,045		0,035	
Gesäuge- bewertung	Varianz	0,045		0	0,5
	Ratio	0,091		0	
	Fehler	0,038		0	
Wurf- bewertung	Varianz	0,048		-	0,678
	Ratio	0,072		-	
	Fehler	0,055		-	
Säuge- zunahmen	Varianz	234,5		306,8	848,1
	Ratio	0,276		0,361	
	Fehler	0,039		0,027	

Tabelle 19: Genetische Parameter für Einmerkmalsmodelle (Ferkel)

		Additiv- genetischer Effekt	Maternaler Effekt	Permanenter Umwelteffekt	Phänotypische Varianz
		h^2	m^2	c^2	
FGG	Varianz	0,0085	0,0043 0,0021	0,015	0,12
	Ratio	0,068	1,0 0,017	0,12	
	Fehler	0,022	0,0039 0,0075		
FAG	Varianz	0,093	-0,076 0,086	0,252	1,93
	Ratio	0,048	-0,85 0,044	0,015	
	Fehler	0,020	0,203 0,012	0,011	

Bei allen Untersuchungen die zu diesem Thema angestellt wurden, ist jedoch auf die Vergleichbarkeit zu achten. Oft sind die Datenstruktur, die Genetik oder auch die Modelle für die Schätzungen grundverschieden. (siehe auch KISNER et al., 1996) Die hier gewählten Modelle enthalten mehr Faktoren als in der Literatur gefundene Angaben. So dass eine mögliche Verlagerung vom additiv genetischen Effekt auf den permanenten Umwelteffekt erfolgt sein kann. Im Falle von der oben erwähnten Kieler Arbeit enthält das Modell für die Berechnungen zum individuellen Geburtsgewicht als fixe Faktoren den Durchgang innerhalb Abferkelung, die Wurfnummer und das Geschlecht. Als zufällige Effekte sind der Wurfumwelt-, der maternal genetische und der additiv genetische Tiereffekt gewählt (HELLBRÜGGE et al., 2005) und keine Kovariablen.

In Tabelle 20 sind die Korrelationen zwischen der Ultraschallmessung, den Bewertungen für Wurf und Gesäuge mit den Gewichten und den Streuungen, den Säugetagszunahmen und der Anzahl lebend und totgeborener Ferkel dargestellt. Die Wurfbewertung spiegelt den Zusammenhang von den Gewichten und der dazugehörigen Streuung wieder, kann jedoch nicht als Ersatz für die Einzelgewichtserfassung gesehen werden, da die Einschätzung zu subjektiv ist. Es lohnt sich aber auf das Gesäuge zu achten. Je besser die Gesäugebewertung nach der Geburt und nach 21 Tage ausfiel, desto niedriger waren die Streuungen der 21 Tagegewichte. Die Konditionsbewertung der Sau durch Ultraschallmessung zeigt, je mehr Speck nach der Geburt an den Sauen gemessen wurde, desto höher waren die 21-Tagegewichte, die Säugetagszunahmen, aber auch die Streuung dieser Gewichte.

Tabelle 20: Korrelationen mit Ultraschallmessung, Gesäuge- und Wurfbewertung

	MWGG	SWGG	MWAG	SWAG	STZ	IgF	tgF
USG	0,02	0,06	0,12 **	0,11 **	0,12 **	-0,08 *	0,04
USA	-0,03	0,06	0,05	0,13 **	0,07	-0,08 *	0,01
GS-geb	-0,03	0,00	-0,06	-0,12 **	-0,05	0,01	0,05
GS-21	0,03	-0,05	-0,06	-0,18 **	-0,08	-0,03	-0,01
WU-geb	0,35 **	-0,39 **	0,08	-0,12 **	-0,02	0,07	0,00
WU-21	0,08	-0,07	0,38 **	-0,56 **	0,39 **	-0,03	0,03

* $p < 0,05$ ** $p < 0,01$

4.3 Auswertung Ferkelverluste

Die Auswertungen zur Verlustsituation zeigen, dass auch die Fußbodengestaltung darauf Einfluss hat. In den Buchten mit planem Boden sind die Säugetagszunahmen niedriger. Allein bei Sauen im 7. Wurf sind sie im Durchschnitt um 3 g höher (Abbildung 6). Da jedoch auch die Verluste mit der Erhöhung ansteigen, werden die mittleren Säugetagszunahmen dadurch verbessert. So ist die Erhöhung der Standfläche kritisch zu betrachten. Die Erhöhung der Standfläche verschärft außerdem den Unterschied der Verlustsituation zwischen Jungsauen und Altsauen um 3,7 %. Vor allem ist der Anteil der gemerzten Ferkel bei den Jungsauen mit 6,3 % signifikant höher als bei Altsauen (2,5 %). Da Jungsauen eher kleinere Ferkel werfen, habe diese durch die Erhöhung eine größere Distanz zum Gesäuge vor allem zur oberen Gesäugeleiste zu überwinden. Für schwächere Ferkel und unter besonderem Konkurrenzdruck ist die nur schwer zu schaffen.

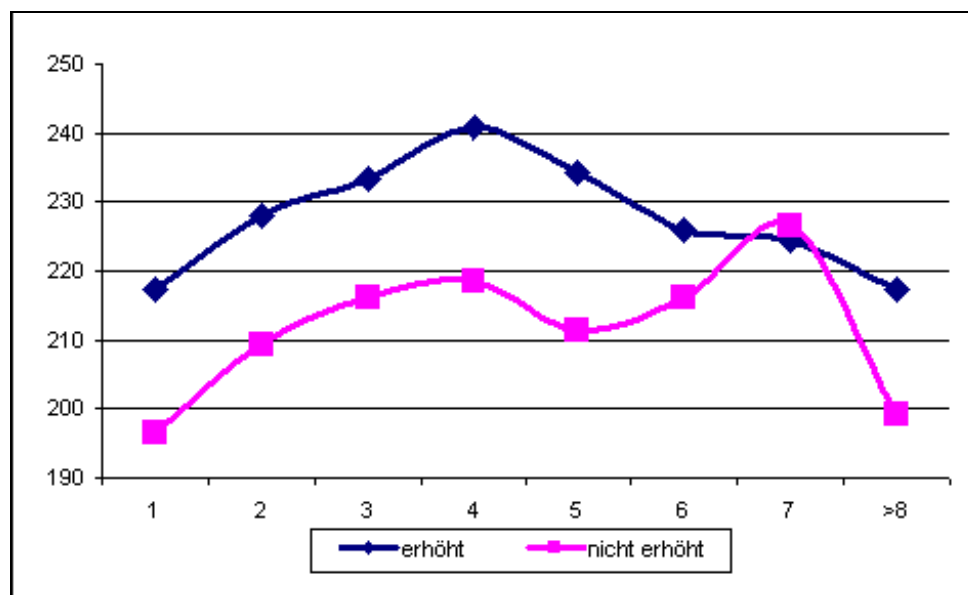


Abbildung 6: Säugetagszunahmen bei unterschiedlicher Standhöhe nach Wurfnummern

Eine besondere Erschwernis bildet für diese Ferkel ein zu niedriger Ferkelschutzkorb.

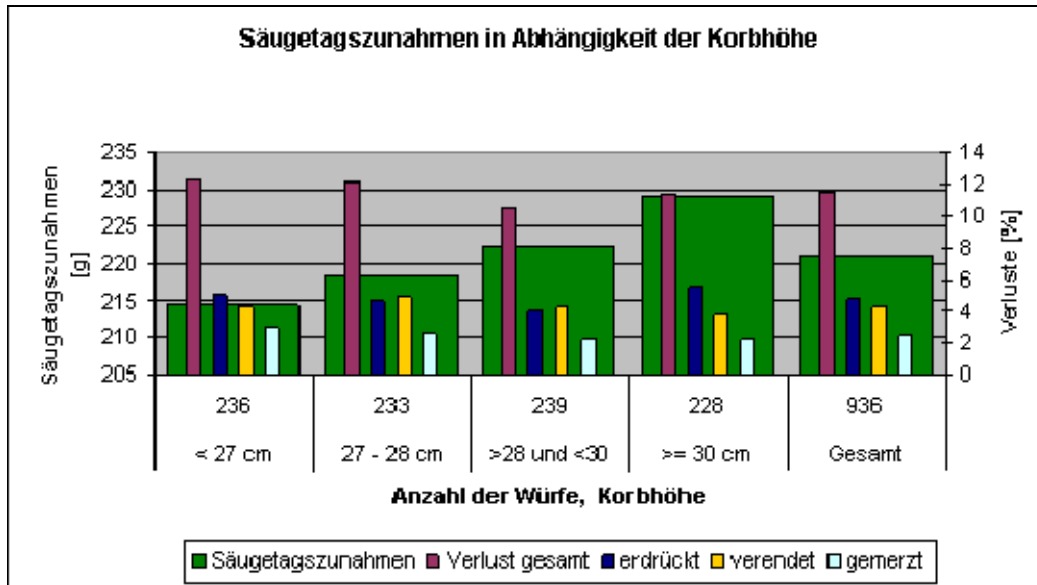


Abbildung 7: Säugetagszunahmen und Verluste nach Korbhöhe

Wenn die untere Querstange die obere Gesäugeleiste verdeckt, kann dies für schwache Ferkel tödlich enden. Wie aus Abbildung 7 hervorgeht steigen die Säugezunahmen mit zunehmender Korbhöhe. Der Ferkelschutzkorb soll die Ferkel schützen, dass bedeutet auch dass er nicht zu hoch angesetzt werden darf. Die untere Querstange ist auch eine Barriere vor dem Erdrücken durch die Sau. Ab einer Höhe von mehr als 30 cm ist dieser Schutz nicht für alle Ferkel gewährleistet (Abbildung 7).

5 Zusammenfassung und Schlussfolgerung

Nach der Datenerfassung in einem sächsischen Zuchtbetrieb im Zeitraum von über einem Jahr sind anhand des vorgefundenen Tiermaterials (sächsische DL-Sauenwürfe) Parameterschätzungen für das mitteldeutsche Schweinezuchtgebiet durchgeführt worden. Das Ziel bestand darin neue Merkmale für die Zuchtwertschätzung Fruchtbarkeit zu prüfen, um das zurzeit benutzte Merkmal ‚lebend geborene Ferkel‘ eventuell zu ergänzen. Dafür wurden Modelle für die Merkmale Anzahl lebend geborener Ferkel, mittleres Geburtsgewicht im Wurf, mittleres 21-Tagegewicht im Wurf mit den dazugehörigen Streuungen, individuelles Geburtsgewicht und individuelles 21-Tagegewicht erstellt.

Die Ergebnisse haben die erwartete negative Korrelation zwischen Anzahl lebend geborener Ferkel und den Ferkelgewichten bestätigt und unterstützten das Ziel den bisherigen Fruchtbarkeitszuchtwert auszubauen.

Für die Anzahl lebend geborener Ferkel wurde mit 0,028 eine niedrige Heritabilität berechnet. Im Vergleich dazu sind die Heritabilitäten für die Gewichte und ihre Streuungen im Wurf höher. Für das durchschnittliche Geburtsgewicht im Wurf und die dazugehörige Streuung wurde 0,158 und 0,232 geschätzt. Für diese Merkmale zum 21. Tag ergaben sich Werte vom 0,167 und 0,154. Bei den Berechnungen für die Erblichkeit der individuellen Gewichte sind entscheidend niedrigere Werte erzielt worden (Geburtsgewicht: 0,089, 21-Tagegewicht: 0,059). Derzeit erscheinen die Wurfmerkmale aufgrund ihrer höheren Heritabilitäten für eine gezielte Selektion geeigneter, jedoch würde dabei der genetische Effekt der Ferkel vernachlässigt werden.

Mit der Erfassung der individuellen Gewichte können für die züchterische Arbeit wertvolle Informationen gewonnen werden. Es zeigen schon mehrere Betriebe wie das Wiegen der Ferkel ohne erheblichen Mehraufwand in das Arbeitskonzept eingegliedert werden kann. Auch wenn die niedrigen Heritabilitäten für die individuellen Gewichte diese zusätzliche Arbeit als nicht gerechtfertigt erscheinen lassen, so zeigen die Ergebnisse, dass die Streuung der Gewichte im Wurf – die nur über die Einzelgewichterfassung ermittelt werden kann – für das Zuchtziel ‚große ausgeglichene Würfe‘ wichtige Erkenntnisse liefert und demnach nicht hohe Geburtsgewichte anzustreben sind sondern eine geringe Streuung. Die erzielten Ergebnisse motivieren für weitere Untersuchungen der Modelle und Schätzungen zu den individuellen Gewichten und weiteren Merkmalen.

6 Literaturverzeichnis

GROENEVELD, E (2003): VCE 5 Manual

HELLBRÜGGE, E., TÖLLE, K.-H., PRESUHN, U., KRIETER, J. (2005): Beziehung zwischen Muttereigenschaften von Sauen und der Überlebensrate von Ferkeln, Vortagstagung DGfZ und GfT, Berlin

HERMESCH, S., LUXFORD, B. G., Graser, H. U., (2001 a): Estimation of variance components for individual piglet weights at birth and 14 days of age Proc. Assoc. Advmt. Anim. Breed. Genet. Vol 14

HERMESCH, S., LUXFORD, B. G., Graser, H. U., (2001 b): Genetic parameters for piglet mortality, within litter variation of birth weight, litter size and litter birth weight, Proc. Assoc. Advmt. Anim. Breed. Genet. Vol 14

KISNER, V.; BRANDT, H., GLODEK, P. und MÖLLERS, B. (1996): Die Analyse von Sauenaufzuchtleistungen in der Versuchsstation Relliehausen zur Entwicklung von Kriterien der Wurfqualität. - Arch. Tierz., Dummerstorf 39 (1996)2, 143-152

KLEINWÄCHTER, T., THOLEN, E., WIMMERS, K., PONSUKSILI, S. und SCHELLANDER, K. (2004): Steigerung der Fitness und Vitalität durch Erhöhung der genetischen Variabilität mittels markergestützter Selektion beim Schwein, Institut für Tierzuchtwissenschaft, Versuchsbericht

- KNOL, E. F., BERGSMA (2003): Sire line selection für pre-weaning survival of piglets. Birth weight or direct survival, Institut for Pig Genetic, P.O. Box 43 6640 AA Beuningen, Netherlands
- MÄURER, H. (2002): Die Zuchtwertschätzung für die Fruchtbarkeit bei den Mutterrassen. - SachsenPost Schwein 20, 19
- MEYER, E. (2002), Die Zunahmen in der Säugezeit sind kein Zufall – Einflussgrößen auf die Höhe der Säugezunahmen
- PRANGE, H. (2004): Gesundheitsmanagement Schweinhaltung
- RÖHE, R. (2004): Selektionsstrategien zur Verbesserung der Überlebensrate von Ferkeln. - 6. Workshop Uelzen, 41-48
- Sächsischer Tierzuchtreport 2004 (2005)
- TÄUBERT, H., EDING, H., HENNE, H., SIMIANER, H., (2003), Genetic Parameters for litter traits derived from individual birth weight recordings. - 54th Annual Meeting of the EAAP, Rome, Italy, August 31st - September 3rd 2003

Anlage

Schlüssel zur Wurfbewertung

Bei größerem Wurfungleich als ± 1 Ferkel wird keine Wurfbewertung vorgenommen.

Zum 21. Tag können bis 2 Ferkel weniger als bei der Geburt sein.

- 1
 - Minderwurf
 - unter 9 Ferkel zur Geburt
 - völlig unausgeglichen in der Größe
 - kränkliches Aussehen, keine Vitalität
 - mehr als die Hälfte der Ferkel haben Anomalien (z.B.: Spreizer, Hodenbruch, Binneneber, Afterlosigkeit)
- 2
 - unausgeglichener Wurf
 - höchstens 2 Anomalien im Wurf (z.B.: Spreizer, Hodenbruch, Binneneber, Afterlosigkeit)
 - mindestens 9 Ferkel zur Geburt
 - geminderte Vitalität durch Untergewicht
 - Vorhandensein von blassen Ferkeln (Eisenmangel/Anämie)
 - Vorhandensein von offensichtlichen Kümmerern
 - Gesundheitliches Erscheinungsbild durch Durchfall gemindert
- 3
 - mindestens 10 Ferkel zur Geburt
 - Wurf fast ausgeglichen bei maximal 2 sichtbaren Extremferkeln (Unter- oder Übergewicht)
 - Ferkel die vom Durchschnitt abweichen dürfen keine sichtbaren Kümmerer sein
 - Ferkel müssen vital aussehen
 - keine Anomalien
- 4
 - ausgeglichener Wurf
 - mindestens 10 Ferkel zur Geburt
 - höchstens 1 Extremferkel
 - Ferkel das vom Durchschnitt abweicht darf kein sichtbarer Kümmerer sein
 - keine Anomalien
 - sehr guter gesundheitlicher Gesamteindruck
- 5
 - völlig ausgeglichener Wurf in Größe und Aussehen
 - mindestens 12 Ferkel zur Geburt
 - keine Extreme
 - keine Anomalien
 - hervorragender gesundheitlicher Gesamteindruck

Schlüssel zur Gesäugebewertung

- 1
 - schwerwiegende Mängel des Gesäuges die zur Störung der Funktionalität führen
 - unter 6 Zitzen auf einer Gesäugeleiste
 - mehrere Zitzenanomalien (Stülpzitzen, Zwischenzitzen)
 - mindestens eine Zitzenleiste weit zurückgesetzt (ab Nabel)
 - schlechte Verteilung der Zitzen (enge bzw. weite Abstände)
 - mangelnde oder fast keine Ausprägung des Drüsengewebes (Milchmangel)
- 2
 - unausgeglichene Zitzenausbildungen in Form und Größe
 - schlechte Zitzenverteilung
 - eine Zitzenanomalie
 - Zitzenzahl geringer als 7/7 (mindestens 6 Zitzen auf beiden Zitzenleisten)
 - weniger als 3 Zitzen vorm Nabel
- 3
 - leicht ungleiche Zitzenabstände
 - Zitzen ungleich angesaugt → Gesamteindruck des Gesäuges unausgebalanciert
 - Zitzen voll funktionsfähig ohne Anomalien
 - mindestens 3 Zitzen vorm Nabel
- 4
 - ausgeglichenes Gesäuge
 - ohne Anomalien
 - gute Zitzenausbildung
 - gleichmäßige Zitzenverteilung
 - mindestens 7/7 Zitzen
 - gut ausgeprägtes fast gleichmäßiges Drüsengewebe
- 5
 - sehr gutes Gesäugebild
 - 4 Zitzen vor Nabelbeginn
 - sehr gute Zitzenverteilung (früher Beginn der Zitzenleiste)
 - sehr gute Zitzenausbildung (nicht zu fleischig, nicht zu dünn)
 - hervorragend gleichmäßig ausgebildetes Drüsengewebe
 - Zitzen alle gleichmäßig angesaugt
 - mindestens 7/7 Zitzen
 - Gesäuge ohne Anomalien

Die Bewertung des Gesäuges wird um einen Punkt herunter gesetzt, wenn Verletzungen vorhanden sind, die die Funktion des Gesäuges beeinträchtigen.

Entwicklung eines Verfahrens zur Zuchtwertschätzung für kleine Wiederkäuer

Dr. Fouad Rikabi, Dr. Ulf Müller, Dr. Uwe Bergfeld; Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft

Inhalt

1	Einleitung und Zielstellung
2	Literaturübersicht
2.1	BLUP-Grundlage
2.2	Schätzung genetischer Parameter
3	Material und Methode
3.1	Beschreibung der Merkmalskomplexe
3.2	Material
3.3	Statistische Auswertung
4	Ergebnisse und Diskussion
4.1	Übersichtsstatistik
4.2	Modellevaluierung
4.3	Modellszenarien
4.4	Heritabilitäten
5	Zusammenfassung
6	Literaturverzeichnis

1 Einleitung und Zielstellung

Im Freistaat Sachsen werden ca. 125 000 Schafe und ca. 5 500 Ziegen gehalten. Der Sächsische Schaf- und Ziegenzuchtverband e. V. vertritt die Interessen aller sächsischen Schaf- und Ziegenhalter gegenüber Politik und Wirtschaft, und gleichzeitig ist der Verband für die züchterische Weiterentwicklung aller in Sachsen gezüchteten Schaf- und Ziegenrassen zuständig.

Die Zuchtarbeit – und damit verbunden ein Zuchtfortschritt – kann nur in Verbindung mit einer Leistungsprüfung durchgeführt werden. In Sachsen stellen die Fleischleistung und die Milchleistung in der Schaf- und Ziegenzucht neben der Reproduktionsleistung die zentrale Nutzungskomponente dar, zu deren züchterischer Bearbeitung eine Reihe von Prüfungsmethoden zur Verfügung steht.

Gegenwärtig umfasst die Leistungsprüfung in der Schaf- und Ziegenzucht Merkmale der Mast- und Schlachtleistung, die im Feld oder/und in der Station verschiedener Zuchtbetriebe erhoben werden. Zusätzlich werden in den Herdbuchbeständen die Fruchtbarkeit und in den Milchschaaf- und -ziegenherden die Milchleistung erfasst. Darüber hinaus werden die Milchleistung der Schafe und verschiedener Ziegenrassen von sächsischen Betrieben beim LKV Sachsen erhoben, die im Rahmen der Prüfungsergebnisse der MLP für Schafe und Ziegen in Form verschiedener Schafleistungsprüfungs-Protokolle wiedergegeben werden. Die Ergebnisse der Mast- und Schlachtleistung werden mittels eines Index gewichtet und in Form eines Gesamtindex in der Zucht verwendet. Diese Methode (Erfassung des Gesamtindex) entspricht nicht dem neuesten Forschungsstand in der Zuchtarbeit und reicht nicht mehr aus, um einen konkreten und gezielten Zuchtfortschritt bei den kleinen Wiederkäuern zu erreichen. Ein niedrigerer Zuchtfortschritt und eine letztlich geringere Wettbewerbsfähigkeit einheimischer Schaf- und Ziegenrassen sind die unmittelbare Konsequenz.

Im Rahmen des Projekts "Entwicklung von Verfahren zur Zuchtwertschätzung für kleine Wiederkäuer im Freistaat Sachsen" werden folgende Zielstellungen verfolgt:

- Erfassung, Analyse und Auswertung aller Merkmale der Leistungsprüfungen;
- Entwicklung von BLUP-Zuchtwertschätzmodellen für die einzelnen Leistungskomplexe;
- Einführung der BLUP-Zuchtwertschätzung in die Praxis;
- Automatisierung des erfassten Leistungsdatenflusses und Optimierung des Datenmanagements.

2 Literaturübersicht

2.1 BLUP-Grundlage

Für die Schätzung von Zuchtwerten, die zur Selektionsentscheidung und zur Vorhersage des erwarteten Zuchtfortschritts dienen, gibt es mehrere ähnliche Verfahren, die das Ziel haben, die genetisch bedingten Leistungsunterschiede verschiedener Tiere möglichst genau zu schätzen. Um diese von sonstigen Effekten zu trennen, sind mathematisch-statistische Methoden not-

wendig. Die BLUP-Methode [B: Best = Beste; L: Linear = Lineare; U: Unbiased = Unverzerrte; P: Prediction = Vorhersage (Schätzung)], die von HENDERSON (1973, 1984) vorgestellt wurde, stellt bis heute das optimale Verfahren zur Zuchtwertschätzung dar. Die BLUP-Methode gewinnt durch die Erweiterung und Flexibilisierung der Modelle immer mehr an Bedeutung (Henderson, 1974; SWALVE, 1998; PREISINGER, 1999). Die Tendenz geht dahin, möglichst alle Merkmale und Selektionsstufen komplex in einem Mehrmerkmalsmodell zu verarbeiten.

Der Phänotyp eines Tieres und seine Leistungen werden durch eine Vielzahl von genetischen und nicht genetischen Faktoren geprägt. Von diesen ist in der Reinzucht nur der additiv-genetische Effekt von Interesse. Aufgabe der BLUP-Zuchtwertschätzung ist es, diesen additiv-genetischen Effekt (= der Zuchtwert eines Tieres) von allen anderen genetischen und nicht genetischen Faktoren zu trennen. PREISINGER und SAVAS (1997) haben festgestellt, dass die Schätzung der Varianzkomponenten (unter Einbeziehung aller verwandtschaftlichen Verhältnisse) wie auch die Zuchtwertschätzung mittlerweile zum Standard bei allen landwirtschaftlichen Nutztierarten geworden ist.

Der Einsatz der BLUP-Methode in der Zuchtwertschätzung bei kleinen Wiederkäuern hat aus züchterischen Gesichtspunkten folgende Vorteile gegenüber dem Einsatz des Gesamtindex:

- Alle Tiere werden gleichzeitig geschätzt und dabei behandelt;
- sie ermöglicht die maximale Ausnutzung aller verfügbaren Leistungs-, Abstammungs- und Verwandtschaftsinformationen;
- sie ermöglicht bessere quantitative Berücksichtigung von Umwelteffekten und verbessert die Chance, störende Umwelteffekte in der Zuchtarbeit bei Wiederkäuern auszuschalten;
- sie entschärft die Kompliziertheit der Verknüpfung der verschiedenen Informationsquellen zum Gesamtindex;
- Berücksichtigung von Inzucht;
- sie erlaubt den direkten Vergleich aller Zuchtwerte über die Generationen hinweg, die für die Beurteilung der Zuchtfortschritte der kleinen Wiederkäuerpopulation wichtig sind;
- sie ermöglicht die optimale Kombination von Eigenleistung und Verwandtschaftsinformation;
- sie bezieht alle Zuchtwerte auf eine einheitliche Basis und erlaubt damit eine direkte Vergleichbarkeit aller Tiere einer Rasse der Schätzpopulation;
- sie ermöglicht die ständige Anpassung der Methode zur Zuchtwertschätzung an die aktuellen Leistungsdaten der jeweiligen Population; demzufolge können die Merkmale der verschiedenen Leistungskomplexe (Fleisch-, Milch- und Fruchtbarkeitsmerkmale) entsprechend der geänderten Marktsituation jederzeit anders gewichtet werden.

Umwelteinflüsse auf die Fleischleistung

Die Fleischleistung eines Tieres kann in Form einer Eigenleistung, Geschwister- oder Nachkommenleistung geprüft werden. Die Verfahren können auf Station oder im Feld durchgeführt werden.

Für die Fleischleistung bedeutende wachstumsbeeinflussende Faktoren wurde von vielen Autoren wie LEE et al. 2000 und 1990, WOLLNY, 2000; KEFELGEN, 2000; CONNINGTON et al. 1995, 1998 und AL-RIKABI 1989) untersucht und in Abbildung 1 zusammengefasst.

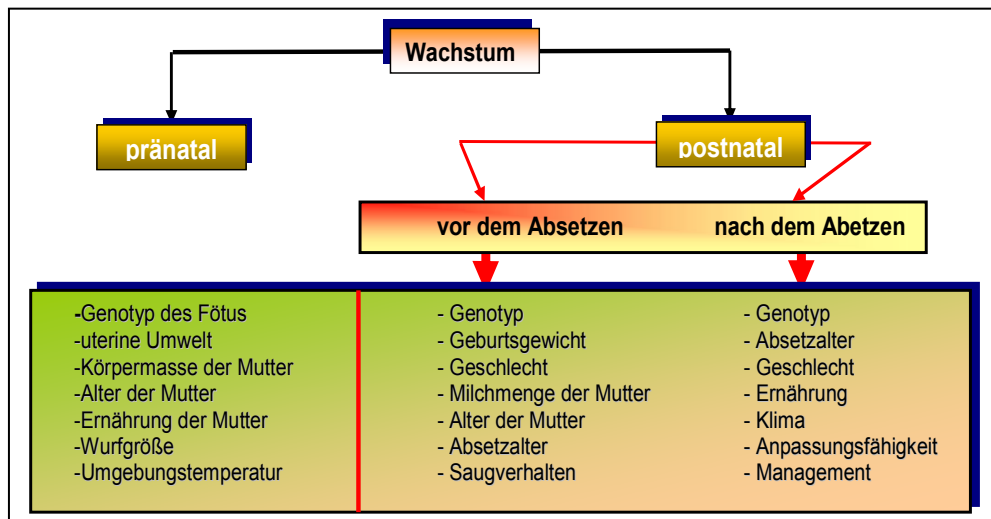


Abbildung 1: Wachstumsbeeinflussende Faktoren

Rasse und Geschlecht sind zwar genetisch festgelegt, jedoch beeinflussen sie die Leistungskriterien signifikant (MOUSA et al., 1999; MARIA, 1995). In der Aufzuchtphase wirkt sich dies über die Milchleistung der Mutter auf das Wachstum und die Zunahmen des Lammes aus. Die starke Veränderung von Leistungsmerkmalen in Abhängigkeit von der Zeit ist vor allem bei Schafen deutlich zu beobachten, da diese Tierart den klimatischen Schwankungen durch ihre naturnahe Haltungsform am direktesten ausgesetzt ist (BATHAEI et al. 1997).

HAGGER et al. (1998) gehen in ihrer Untersuchung von einem Einfluss des Geburtsjahres auf die Tageszunahmen im ersten Lebensabschnitt (bis zum Absetzen) von 19 – 25 % aus. BATHAEI et al. (1997) finden, dass die Saison an sich und auch der Zeitpunkt der Geburt innerhalb der Saison starken Einfluss auf das Alter und das Gewicht zur Geschlechtsreife haben. Lämmer, die spät in der Saison geboren werden, sind zu diesem Zeitpunkt leichter, was sicherlich wieder mit dem verminderten Futterangebot und dem stärkeren Parasitendruck zu begründen ist. Hierbei wurde von einer Frühjahrsablammung ausgegangen. STRITZKE et al. (1982) untersuchten den Saisoneinfluss auf verschiedene Merkmale. Die höchsten Gewichte zur Geburt und zum Absetzen (70 Tage) und Zunahmen nach dem Absetzen wiesen die im Winter geborenen Lämmer

auf. Danach folgen die Herbstlämmer, deren geringeres Geburtsgewicht mit den hohen Temperaturen während der Tragezeit begründet wurde.

Die größte prozentuale Restvarianzänderung der untersuchten Störgrößen der Eigenleistungsmerkmale ruft der Betriebseffekt hervor. Alle Tiere werden bis zum Tag der Leistungserfassung im Zuchtbetrieb unter den unterschiedlichsten Haltungs- und Produktionsbedingungen wie Management und Fütterung gehalten. Die Schätzung dieser Faktoren ist insbesondere bei kleinen Herden sehr schwierig. Hinzu kommt, dass die Böcke meist nur in einer Herde zum Einsatz kommen und somit der Betriebseffekt schlecht vom Vätereffekt zu trennen ist. Ebenso spielt in den Faktor der Fütterung der Jahres- und Saisoneffekt mit hinein, da die Schafhaltung oft sehr naturnah gestaltet wird. CONINGTON et al. (1998) wiesen darauf hin, dass die Unterschiede zwischen den Betrieben größer waren als die zwischen den Jahren und im Wesentlichen auf den unterschiedlichen Aufzuchtformen beruhten.

Das Geburtsgewicht eines Lammes wird überwiegend durch den Geburtstyp beeinflusst, während der Aufzuchttyp vor allem die körperliche Entwicklung in der Säugezeit determiniert. Ein niedriges Geburtsgewicht wird von mehreren Autoren in enger Korrelation mit den späteren Verlusten und niedrigem Wachstum gesehen (KALLWEIT & SCHMIDT 1981; SÜSS und KOENIG 1986; PETERS et al. 1993).

In vielen Studien (KRAUS et al. 2001; NSOSO et al. 1999) wurde nachgewiesen, dass das Geburtsgewicht von Einlingen höher ist als das von Zwillingen bzw. Mehrlingen. PITCHFORD et al. (1993) stellten fest, dass Einlinge bei der Geburt 21 % mehr wogen als Mehrlinge und eine um 15 % schnellere Wachstumsrate haben. Die höheren Geburtsgewichte bei Einlingen werden mit der besseren intrauterinen Nährstoffversorgung begründet.

HAGGER et al. (1998) gehen in ihren Berechnungen von einem Einfluss der Wurfgröße auf die frühen Tageszunahmen von 26 – 31 % aus. Einlinge haben während der Säugezeit aufgrund des höheren Geburtsgewichtes und des ausreichenden Milchangebots eindeutige Vorteile. Daraus folgt natürlich, dass das Absetzgewicht bei Mehrlingen geringer ausfällt. BATHAEI et al. (1997) berichten von einem höheren Absetzgewicht durch starkes Wachstum in der Saugphase vor allem von Einlingen. Bei sehr intensiven Aufzuchtformen konnte allerdings auch ein komparatives Wachstum nach dem Absetzen von Mehrlingen beobachtet werden (EL KASHAB et al. 1981).

In vielen Untersuchungen wird der Einfluss des Alters der Mutter auf tägliche Zunahmen und Gewichtsentwicklung nachgewiesen, der jedoch mit der Zeit verflacht bzw. gar nicht mehr vorhanden ist, da die besten Ergebnisse meist die 3 - 5 Jahre alten Mütter erbringen (KEFELGEN 2000).

Von maternalen Effekten auf das Geburts-, Absetzgewicht berichten OKUT et al. (1999). Unbedeutete maternalen Effekte auf das Lebensgewicht bei Kaschmir-Ziegen haben ZHOU et al. (2002) in ihren Untersuchungen nachgewiesen. Die Wachstumsintensität verändert sich im Laufe der Aufzucht eines Lammes. Die Gewichtszunahme gestaltet sich in den ersten Monaten nahezu linear steigend. Jedoch ist diese Wachstumssteigerung erheblich von den Umweltfaktoren beeinflussbar (REALE et al. 1999). Diese Beschreibung beeinflusst demzufolge die Qualität der Schlachtkörperzusammensetzung eines Lammes. CHESTNUTT (1994) stellte fest, dass mit zunehmendem Lebensalter und steigender Körpermasse die Fettauflage und die Fetteinlagerung steigen (AL-RIKABI 1989).

2.2.1 Schätzung genetischer Parameter

Mit Hilfe der BLUP-Zuchtwertschätzung kann der Ist-Zustand der züchterischen Eigenschaften der Schaf- und Ziegenrassen beschrieben und die Selektion bedeutender Merkmale allerdings nur dann effizient vorangetrieben werden, wenn sich diese ausreichend stark vererben und gleichzeitig quantitativ bestimmbar sind. Deshalb machten BRUNS et al. (1985) darauf aufmerksam, dass „eine möglichst objektive Erfassbarkeit“ genetischer Parameter Grundlage für die Zuchtwertschätzung ist. Und auch aus diesem Grunde ist neben der ökonomischen Bedeutung der im Zuchtziel definierten Selektionsmerkmale auch der Frage nach der Selektionswürdigkeit dieser Merkmale aufgrund ihrer genetischen Fundierung nachzugehen.

Die folgenden Tabellen (Tab. 1 und Tab. 2) beinhalten verschiedene Heritabilitätswerte unterschiedlicher Mast- und Schlachtkörperleistungsmerkmale, die bei verschiedenen Rassen errechnet wurden. Da kleine Wiederkäuer in vielen Ländern dieser Erde eine wirtschaftlich größere Rolle spielen als in Deutschland, kamen die meisten Werte aus den internationalen Literaturquellen.

Tabelle 1: Heritabilität von Mastleistungsmerkmalen (Literaturübersicht)

Mastleistung Merkmal	Quelle	h²	Tiermaterial (Rasse)
Geburtsgewicht	BROMLEY ET AL, 2000	0,09 - 0,26	Columbia, Polypay, Rambouillet, Targhee
42-Tage Gewicht	MOUSA ET AL, 1999	0,09 - 0,12	Columbia x Hampshire+Suffolk
	NESER ET AL, 2001	0,10 - 0,28	Dorper sheep
	NESER ET AL, 2000	0,28	Dorper sheep
	NESER ET AL, 2000	0,37	Merino
Prüftagszunahme	KEFELGEN, 2000	0,46 - 0,50	Merinofleisch-, Merinolangwoll-, Merinolandschaf
tgl Zunahme vom 10. bis zum 30. Tag	EL FADILI ET AL, 2000	0,42	Moroccan Timahit sheep
Zunahme bis zum Absetzen	MARIA U.A. 1993	0,26	Romanov
Lebenstagszunahme	NESER ET AL., 2001	0,11 - 0,20	Dorper
	BROMLEY ET AL, 2000	0,09 - 0,26	Columbia, Polypay, Rambouillet, Targhee
	MÜLLER, 1995	0,36	Merinofleischschafe / Station
	MÜLLER, 1995	0,11	Merinofleischschafe / Feld
Tägliche Zunahme	MÜLLER, 1995	0,31	Merinofleischschafe / Station
	MÜLLER, 1995	0,04	Merinofleischschafe / Feld
Gewicht und Zunahme nach dem Absetzen	BENNETT ET AL, 1991	0,20	Southdown x Romney
Futterenergieverwertung	MÜLLER, 1995	0,33	Merinofleischschafe / Station
Äußere Erscheinung	MÜLLER, 1995	0,25	Merinofleischschafe / Station
	MÜLLER, 1995	0,31	Merinofleischschafe / Feld
Bemuskelung	MÜLLER, 1995	0,20	Merinofleischschafe / Station
	MÜLLER, 1995	0,39	Merinofleischschafe / Feld
US-Fettauflage	MÜLLER, 1995	0,35	Merinofleischschafe /Station
	MÜLLER, 1995	0,12	Merinofleischschafe /Feld
US-Muskeldicke	MÜLLER, 1995	0,29	Merinofleischschafe /Station
	MÜLLER, 1995	0,20	Merinofleischschafe /Feld

Wie zu erkennen ist, sind die Schwankungen der Heritabilitätswerte bei Schafen und Ziegen groß. Das könnte auf die begrenzte Anzahl zur Verfügung stehender Tiere oder die Übertragung von Ergebnissen durch abweichende Prüfungsverfahren (Stations- bzw. Feldprüfung) zurückzuführen sein. Die Schwankung der dargestellten Heritabilitäten erschwert die Übernahme dieser Werte in die Zuchtwertberechnungen spezieller Populationen, wie in Sachsen. In der

nächsten Tabelle werden die Heritabilitätswerte von Schlachtleistungs-merkmalen bei kleinen Wiederkäuern dargestellt.

Tabelle 2: Heritabilität von Schlachtleistungsmerkmalen (Literaturübersicht)

Schlachtleistung Merkmal	Quelle	h²	Tiermaterial (Rasse)
Bemuskelung	KEFELGEN, 2000	0,49 - 0,52	Merinofleisch-, Merinolangwoll-, Merinolandschaf
Verfettung	KEFELGEN, 2000	0,44 - 0,58	Merinofleisch-, Merinolangwoll-, Merinolandschaf
Nierenfett	BENNETT ET AL, 1991	0,53	Southdown x Romney
	MÜLLER, 1995	0,11	Merinofleischschafe / Station
Fettdicke	BENNETT U.A. 1991	0,21	Southdown x Romney
Fettauflage	BENNETT U.A. 1991	0,53	Southdown x Romney
Muskeldicke	BENNETT U.A. 1991	0,37	Southdown x Romney
5-9 Monate (US) ^a	GILMOUR U.A. 1994	0,15	Poll Dorset sheep
38 kg	CONINGTON U.A. 1998	0,20	Scottish Blackface
Muskelfläche	MÜLLER, 1995	0,02	Merinofleischschafe / Station
	GÖHLER 1979	0,36	versch. Rassen
Muskelbreite	WALDRON U.A. 1992	0,63	Rambouillet
Intramuskuläres Fett	CONINGTON U.A. 1998	0,10	Scottish Blackface
Magerfleischanteil	CONINGTON U.A. 1998	0,27	Scottish Blackface
Oberflächenfettpunkte	MÜLLER, 1995	0,08	Merinofleischschafe / Station
Kamm-Schulter-Punkte	MÜLLER, 1995	0,21	Merinofleischschafe / Station
Rücken-Lende-Punkte	MÜLLER, 1995	0,08	Merinofleischschafe / Station
Keulenpunkte	MÜLLER, 1995	0,06	Merinofleischschafe / Station

Die phänotypischen Korrelationen liegen im Allgemeinen etwas niedriger als die genetischen. Die Beziehungen zwischen den Merkmalen differieren ebenfalls stark, wenn man die Ergebnisse der einzelnen Autoren vergleicht.

Es besteht die Tendenz, dass mit größerer Zunahmeleistung phänotypisch höhere Fettauflagen und stärkere Bemuskelung gekoppelt sind; genetisch gehen die höheren Zunahmen ebenfalls mit stärkerer Bemuskelung einher, wogegen die Korrelationen zu Merkmalen der Verfettung im indifferenten bis leicht negativen Bereich liegen (CONINGTON et al., 1995, 1998). Die gleichen Autoren weisen zwischen Fett- und Muskeldicke Korrelationen von +0,35 (phänotypisch) und – 0,06 (genetisch) aus.

Aktuell verweisen viele Literaturquellen darauf, dass die BLUP-Zuchtwertfeststellung in Verbindung mit einem sinnvollen Prüfregime unter Einbeziehung modernster Prüfmethode (Ultraschall) und Besamung für das Erreichen eines hohen Zuchtfortschrittes auch in der Schafzucht unabdingbare Voraussetzung sind.

3 Material und Methode

3.1 Beschreibung der Merkmalskomplexe

Zuständig für die Durchführung dieser Prüfung ist der Sächsische Schaf- und Ziegenzuchtverband. Als Grundlage für die Merkmalerfassung in der Feldprüfung dienen die zur Herdbuchaufnahme bzw. zur Körung erhobenen Daten. Erfasst werden das Gewicht am Tage der Körung bzw. bei den weiblichen Tieren am Tag der Herdbuchaufnahme, die äußeren Erscheinungsmerkmale und die Bemuskelung (Keule, Rücken und Schulter), die mittels eines Neun-Punkte-Schemas „subjektiv“ bonitiert werden. Zur Feststellung der durchschnittlichen täglichen Gewichtszunahme werden Alter und Gewicht bei Prüfende ermittelt, abzüglich des Geburtsgewichtes, durch die Anzahl der Lebenstage dividiert. Ist das Geburtsgewicht nicht ermittelt worden, so wird ein rassespezifisches Geburtsgewicht unter Berücksichtigung des Geschlechtes und des Geburtstyps zugrunde gelegt. Die Fettauflage und der Durchmesser des Musculus longissimus dorsi werden mittels Ultraschall (5./6. Lendenwirbel) ermittelt und in die Prüfung einbezogen. Für die weitere Auswertung werden nur die Merkmale Lebenstagszunahme und die Bemuskelungsnote berücksichtigt.

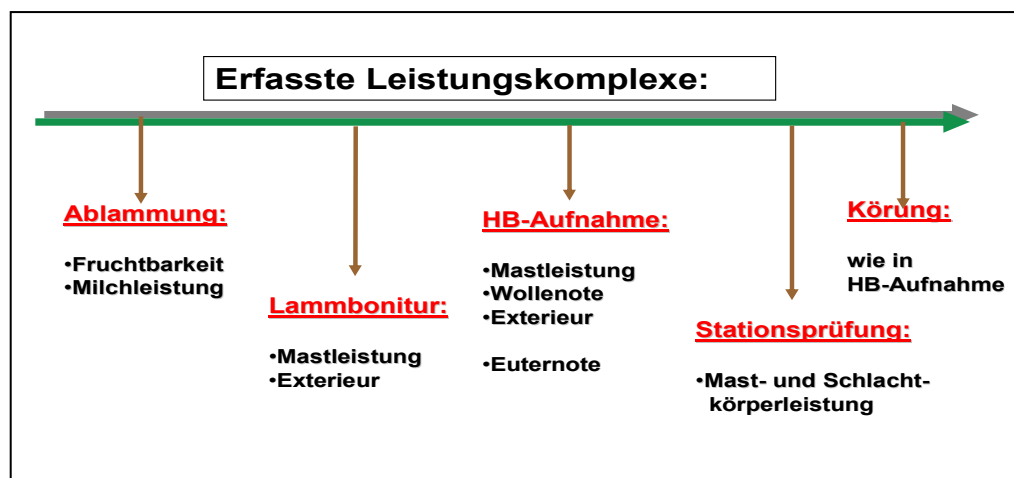


Abbildung 2: Im Rahmen der Leistungsprüfung erfassten Merkmalskomplexe in der Reihenfolge ihrer zeitlichen Erfassung

Die übrigen Merkmale waren vom zahlenmäßigen Umfang her nicht ausreichend oder es fehlten wie im Falle der Ultraschallwerte zusätzliche Informationen zur Beschreibung des Merkmals. In Sachsen wird die Schlachtleistung im Rahmen einer Stationsprüfung erhoben. Zuständig für die Durchführung dieser Prüfung ist die Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft. Diese

führt die Prüfung in der LPA des LVG Köllitsch durch. Die Ergebnisse sind dem jährlich herausgegebenen Stationsprüfbericht zu entnehmen.

Im Rahmen einer kombinierten Eigenleistungs- und Nachkommenprüfung werden ausschließlich männliche Tiere im Gewichtsabschnitt 20 bis 42 kg auf Mastleistung geprüft und bis auf besonders wertvolle Tiere im Anschluss daran geschlachtet. Weil im Rahmen der Schlachtung eine Vielzahl von Merkmalen erfasst wird, wurde sich im Weiteren auf die in Tabelle 3 dargestellten Merkmale beschränkt.

Tabelle 3: Beschreibung der untersuchten Schlachtleistungsmerkmale

Merkmale	Abk.	min.	max.
Fettauflage [mm]	FA	1	9
Rückmuskelfläche [cm ²]	RMFL	8	30
Nierenfett [g]	NF	65	700
Ant. Wertvoller Teilstücke [kg]	AWTS	13	25
Prüftagszunahme [g]	PTZ	135	800

3.2 Material

Im Rahmen der Leistungsprüfung werden an einer Vielzahl von Rassen Leistungsinformationen erhoben. Eine Auswertung der Merkmale für jede Rasse würde nur eine eingeschränkte Aussage zulassen und zusätzlich schnell zur Unübersichtlichkeit führen. Daher wurden Rassen mit ähnlichem Leistungsprofil zu einer Rassegruppe zusammengefasst. Rassen mit weniger als 10 Leistungen wurden nicht in die Auswertung einbezogen. Die Gruppen wurden wie folgt gebildet:

- Merinorassen [MER] Merinofleisch-, und Merinolandschafe
- Fleischschafassen [FLR] Texel, Schwarzköpfiges Fleischschaf und Suffolk

In Tabelle 4 sind alle Rassen aufgeführt, von denen Tiere im Feld oder in der Station geprüft wurden. Zusätzlich wird ausgewiesen, aus wie viel verschiedenen Zuchten die Tiere kamen.

Tabelle 4: Anzahl der geprüften Nachkommen nach Rasse und Standort (Rohdaten)

Rasse	Feldprüfung		Stationsprüfung	
	Tiere [n]	Standorte [n]	Tiere [n]	Standorte [n]
Merinofleischschaf	917	6	173	4
Merinolandschaf	2317	8	154	6
Schwarzköpfiges Fleischschaf	570	7	198	2
Suffolk	667	6	99	5
Texelschaf	202	3	51	6

Betrachtet man die Verteilung der Nachkommen auf Station entsprechend den Jahren und Rassen, so sieht die Verteilung folgendermaßen aus (Tabelle 5).

Tabelle 5: Anzahl der geprüften Tiere auf Station nach Rasse und Jahr (Rohdaten)

Rassen: Jahre:	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	Σ
Merinofleischschaf					44	42	18	17	52	173
Merinolandschaf			16	42	16	8	40	16	16	154
Schwarzköpfiges Fleischschaf			17	28	20	56	15	38	24	198
Suffolk	8	8	9	7	18	4	14	9	22	99
Texelschaf		7		8	8		8	12	8	51

In der Prüfstation sind in den Jahren 1994 bis 2002 insgesamt 675 Tiere aus 6 verschiedenen Rassen geprüft worden. Über die Jahre hinweg waren es zwischen 100 und 150 pro Jahr. Die geringeren Tierzahlen vor 1998 sind darauf zurückzuführen, dass die Daten nicht auf elektronischen Datenträgern zur Verfügung standen. Leistungen aus der Feldprüfung liegen praktisch erst seit 1998 vor (Tabelle 6).

Tabelle 6: Anzahl der geprüften Nachkommen im Feld nach Rasse und Jahr (Rohdaten)

Rassen	Jahre	1998	1999	2000	2001	2002	Σ
Merinofleischschaf		218	116	5	313	265	917
Merinolandschaf		539	284	450	682	362	2317
Schwarzköpfiges Fleischschaf		108	54	25	277	106	570
Suffolk		61	65	159	206	176	667
Texelschaf		57	4	48	54	39	202

Ein wesentliches Kriterium zur Beurteilung der Durchführbarkeit einer Zuchtwertschätzung ist der Grad der Vernetzung genetischer Informationen. In Tabelle 7 ist dargestellt, in wie viel Betrieben die Böcke der einzelnen Rassekomplexe eingesetzt waren.

Tabelle 7: Anzahl Betriebe je Vater für die Merkmalskomplexe Fruchtbarkeit, Mast- und Schlachtkörperleistung und Milchleistung

Anzahl Betriebe	Mast- und Schlachtkörperleistung	
	[n]	[%]
Merinorassen [gesamt]	[40]	[100]
1	27	8
2	3	3
3 – 5	—	—
> 5	—	—
Fleischschafassen [gesamt]	[43]	[100]
1	38	88
2	5	12
3 – 5	—	—
> 5	—	—

Nach Tabelle 7 haben im Merkmalskomplex Fruchtbarkeit in der Summe über alle Merinorassen 375 Böcke nur in einem Betrieb gedeckt. Das sind 90 %. In zwei Betrieben wurden 32 Böcke eingesetzt und 11 Böcke in 2-5 Betrieben. Bei den Merino- und Fleischschafassen ist die Verteilung über die Betriebe als sehr ungünstig anzusehen, da ca. 90 % der Böcke nur in einem Betrieb im Einsatz waren. Bei den Milchschaafen und Ziegen liegt diese Quote etwas besser - zwischen 70 und 80 %. Für eine Zuchtwertschätzung sind diese Strukturen sehr ungünstig.

In Tabelle 8 ist die Anzahl der Nachkommen je Bock dargestellt. Bei den Merinorassen haben 26 % der Böcke im Merkmalskomplex Fruchtbarkeit 2 – 5 Nachkommen, während in der Feld-

prüfung 28 % der Böcke zwischen 21 und 50 Nachkommen aufwiesen. Bei den Fleischschaffrassen ist der Trend der gleiche, aber es ist hervorzuheben, dass 22 % der Böcke bei Feldprüfung zwischen 51 – 100 Nachkommen haben. Bezüglich der Anzahl Nachkommen je Bock ist das Material über alle Rassen und Merkmalskomplexe hinweg als sehr gut anzusehen.

Tabelle 8: Anzahl Nachkommen je Bock für die Merkmalskomplexe Fruchtbarkeit, Mast- und Schlachtkörperleistung und Milchleistung

Anzahl Nachkommen	Feldprüfung	
	[n]	[%]
Merinorassen [gesamt]	[47]	[100]
1	12	26
2 - 5	4	9
6 – 10	12	26
11 -20	13	28
21 – 50	3	6
51 – 100	2	4
> 100	1	2
Fleischschaffrassen [gesamt]	[45]	[100]
1	1	2
2 - 5	11	24
6 – 10	11	24
11 - 20	8	18
21 - 50	1	2
51 - 100	10	22
> 100	3	7

Es ist bei der Materialbeschreibung darauf hinzuweisen, dass nur Datensätze in die Auswertung aufgenommen wurden, bei denen der Vater bekannt war. Bei der Mutter war oftmals nur die betriebsinterne Nummer vorhanden, so dass für diese Tiere nicht in jedem Fall eine volle Verwandtschaft aufgebaut werden konnte.

3.3 Statistische Auswertung

Alle erfassten Leistungsmerkmale wurden statistisch analysiert. Zuerst wurden mit SPSS 11.0. Mittelwerte und Standardabweichung einschließlich Minimum und Maximum nach Rassen bzw. Rassengruppen ermittelt. Weiterhin wurden mittels Varianzanalyse die Merkmale unter aufgeführtem Umwelteffekte auf statistische Signifikanz näher untersucht. Zusätzlich wurden die erfassten Merkmale auf bestimmte Hypothesen durch die Ausreißeranalyse getestet.

Der Test auf Normalverteilung erfolgte mit dem Programm STATISTICA 6.0. Um herauszufinden, inwieweit die Verteilung der Werte der erfassten Merkmale einer Normalverteilung ähnelt, wurde die graphische Darstellung mit einem relativen Normalverteilungsplot gewählt.

Anhand der dort gefundenen Erkenntnisse wurde für die Merkmalskomplexe Fruchtbarkeit, Mast- und Schlachtleistung und Milchleistung Modelle für die Parameterschätzung aufgestellt. Mittels der Programmpakete VCE 4.0 (GROENEVELD, 1998) und Pest 3.1 (GROENEVELD, 1990) wurden verschiedenen Varianzkomponenten geschätzt.

4 Ergebnisse und Diskussion

4.1 Übersichtsstatistik

Im folgenden Abschnitt wird die Mast- und Schlachtleistung näher beschrieben. Dabei wird sich nur auf die Merkmale bezogen, die später varianzanalytisch untersucht werden. Die Mast- und Schlachtleistung lag nur von Schafrassen vor, daher fehlen die Ziegen in dieser Aufstellung. In Tabelle 9 ist die Anzahl erfasster Leistungen, deren Mittelwert, Standardabweichung sowie die Extremwerte für die einzelnen Schafrassen dargestellt. Die Zeile Gesamt ist die Zusammenfassung aller Rassen.

Sowohl die LTZ als auch die PTZ zeigen über die Rassen hinweg den erwarteten Wert. Die Rassen SKF und SU haben mit 439 g bzw. 460 g die höchsten Prüftagszunahmen. Es folgen die Merinorassen, während die Zunahmen der Milchschafe am geringsten sind. Die vergleichsweise geringen Zunahmen der Texel sind wohl auf saisonbedingte Einflüsse zurückzuführen.

Mit 51,4 g variierte die Zunahme bei MF am geringsten und war mit 114,2 g bei TE am höchsten. Das Nierenfett liegt bei den Rassen ebenfalls im erwarteten Bereich. So schneiden TE mit 155 g sehr gut ab, während die Merinorassen und die Milchschafe durchschnittlich mehr als 240 g Nierenfett aufweisen. Die Fläche des *musculus longissimus dorsi* beträgt über die Rassen hinweg zwischen 13,7 cm² bei den Milchschaften und 19,1 cm² bei TE. Die mit Ultraschall gemessenen Werte der Muskeldicke und Fettauflage zeichnen kein einheitliches Bild. Den größten Muskelquerschnitt hatten TE mit 3,6 cm. Das deckt sich mit den Ergebnissen der Muskelflächenmessung. Auch im Grad der Verfettung waren TE besser als die anderen Rassen.

Tabelle 9: Statistische Maßzahlen ausgewählter Merkmale nach Rassen

PTZ (g)						LTZ (g)				
MF	172	383	±	51,4	(225 - 603)	172	352	±	49,8	(35 - 526)
ML	151	398	±	85,8	(230 - 700)	151	359	±	57,4	(238 - 543)
SKF	193	439	±	74,6	(276 - 778)	193	417	±	63,2	(276 - 595)
SU	97	460	±	102,8	(191 - 720)	97	410	±	68,6	(234 - 611)
TE	49	362	±	114,2	(163 - 654)	49	334	±	55,3	(240 - 451)
Gesamt	662	408	±	85,8	(217 - 691)	662	374	±	58,9	(35 - 611)
MS	118	358	±	88	(157 - 638)	118	335	±	52	(198 - 452)
Nierenfett (g)						MLD-Fläche (cm2)				
MF	167	265	±	79	(110 - 490)	167	16,3	±	1,9	(12 - 22)
ML	141	246	±	100	(75 - 595)	141	15,1	±	2,1	(10 - 20)
SKF	138	203	±	69	(65 - 450)	138	15,7	±	1,9	(10 - 20)
SU	84	206	±	57	(80 - 382)	84	16,6	±	1,8	(12 - 22)
TE	36	155	±	44	(75 - 260)	36	19,1	±	3,3	(12 - 28)
Gesamt	566	215	±	70	(65 - 595)	566	16,6	±	2,2	(10 - 28)
MS	116	240	±	99	(95 - 670)	116	13,7	±	2,2	(08 - 19)
MF	166	3,2	±	0,3	(2,5 - 4,0)	168	4,4	±	1,2	(2 - 9)
ML	140	3	±	0,3	(2,2 - 4,0)	131	4,3	±	1,3	(2 - 9)
SKF	138	3,2	±	0,3	(2,4 - 4,0)	149	4,6	±	1,6	(2 - 9)
SU	83	3,3	±	0,3	(2,5 - 4,0)	69	3,9	±	1,1	(2 - 8)
TE	33	3,6	±	0,4	(2,6 - 4,5)	36	2,9	±	1	(1 - 6)
Gesamt	560	3,3	±	0,3	(2,2 - 4,5)	553	4	±	1,2	(1 - 9)
MS	116	2,8	±	0,3	(2,0 - 3,9)	90	2,9	±	1,1	(1 - 6)

4.2 Modellevaluierung

In der Leistungsprüfung werden Tiere unter verschiedenen Umweltbedingungen geprüft. Damit diese von den genetischen Komponenten korrekt getrennt werden können, müssen sie quantifiziert werden. Folgende Effekte wurden im Rahmen des Projekts definiert:

Tabelle 10: Struktur der Systematischen Einflussfaktoren

Einflussfaktor	Abb.	Erklärung
Geschlecht	<i>GE</i>	männlich / weiblich
Geburstyp	<i>GT</i>	Einling, Zwillling, Drilling, Vierling und mehr
Rasse	<i>RA</i>	Effekte der Rassengruppen Fleischrassen; Merinorassen; Milchschafe; Ziegenrassen.
Bock	<i>BO</i>	Einfluss des angepaarten Bockes bei Fruchtbarkeitsmerkmalen
Laktations-Alter	<i>LNA</i>	kombinierter Effekt aus Laktationsnummer und dem Alter zur Ablammung in Monaten
Herde-Ablammjahr-Saison:	<i>HAJS</i>	kombinierter Effekt aus dem Ort der Ablammung (Herde), dem Ablammjahr und der Saison. Die Saison entspricht einem Quartal.
Züchter (ZÜ):	<i>ZÜ</i>	Herkunft eines Tieres bei Prüfung in der Prüfstation
Permanenter Umwelteffekt	<i>PUE</i>	zufälliger Effekt bei wiederholten Ablammungen
Zwischenlammzeit	<i>ZLZ</i>	fixer Effekt bestand aus 4 Gruppen: 1 < 250 Tage 2 >= 250 < 300 Tage 3 >= 350 < 450 Tage 4 > 450 Tage Aufgrund der geringen Tierzahl und der erfassten Schwankungen erschien ein fixer Effekt günstiger als eine Regressionsfunktion zu sein.
Anzahl Lämmer	<i>AL</i>	Effekt der Anzahl geborenen Lämmer auf die Milchleistung eines Tieres
Laktationsnummer	<i>LN</i>	zwischen 1 und 9
Herde-Prüfjahr-Saison	<i>HPJS</i>	kombinierter Effekt aus dem Ort der Milchleistungsprüfung, dem Prüfjahr und dem Quartal als Saison
Permanenter Umwelteffekt	<i>PU</i>	zufälliger Effekt bei wiederholten Milchleistungen
Wurfumwelteffekt	<i>WU</i>	zufälliger Effekt der durch eine gemeinsame Wurfumwelt hervorgerufen wird.

Sowohl in der Station als auch im Feld unterliegen die einzelnen Merkmale dem Einfluss unterschiedlicher Faktoren. Ein Gradmesser dieser Einflussfaktoren ist die Gesamtvarianz. In

der Zuchtwertschätzung ist aber nur der Teil der Gesamtvarianz von Interesse, der genetisch bedingt ist. Zum einen kann aus der genetisch bedingten Varianz eine Aussage zum Zuchtfortschritt abgeleitet werden, zum anderen wird nur dieser Teil der Varianz an die nächste Generation weitergegeben.

Damit der genetische und der nichtgenetische Teil der Varianz getrennt werden können, sind mögliche Einflussfaktoren in einem Modell zu benennen. Nicht alle der möglichen Einflussfaktoren haben einen statistisch nachweisbaren Einfluss, sie können von eher zufälliger Natur sein. Aus diesem Grund wird mit Hilfe des F-Testes in der ersten Stufe geprüft, welche Faktoren die Ausprägung eines Merkmals (statistisch gesichert, mit einer Wahrscheinlichkeit von 95 %) beeinflussen. Je nachdem, ob die Merkmale in der Station oder im Feld erfasst wurden, können unterschiedliche Faktoren wirken. In folgender Tabelle wurden für ausgewählte Merkmale der Stations- und Feldprüfung mögliche Einflussfaktoren auf ihre statistische Relevanz hin untersucht. Zur Ermittlung der signifikanten Effekte wurde im ersten Schritt ein vollständiges Modell unterstellt, aus dem schrittweise nicht signifikante Effekte entfernt wurden.

In Tabelle 11 sind die Ergebnisse der Tests auf Signifikanz dargestellt. Alle Merkmale wurden univariat geprüft. Der Einfluss des Effektes Herde-Jahr Saison (HYS) war bei allen Merkmalen der Stations- und Feldprüfung hoch signifikant. Der Herkunftsbetrieb (BNR) ist bei den Feldleistungsmerkmalen bereits im Effekt HYS enthalten. In der Station war für keines der Merkmale ein Effekt nachzuweisen. Diese Ergebnisse widerspiegeln sich auch in der Literatur. Nach BATHAEI et al. (1997) ist vor allem bei Schafen durch ihre naturnahe Haltungsform eine starke Veränderung von Leistungsmerkmalen in Abhängigkeit von der Zeit zu beobachten. HAGGER et al. (1998) gehen in ihren Untersuchungen von einem Einfluss des Geburtsjahres auf die Tageszunahmen im ersten Lebensabschnitt von 19 % bis 20 % aus. Bei STRITZKE et al. (1982) wiesen die im Winter geborenen Lämmer die höchsten Gewichte zur Geburt und zum Absetzen (70 Tage) sowie Zunahmen nach dem Absetzen auf. CONINGTON et al. (1998) verweisen darauf, dass in ihren Untersuchungen die Unterschiede zwischen den Betrieben größer waren als die zwischen den Jahren und begründen das im Wesentlichen mit den unterschiedlichen Aufzuchtformen.

Der Geburtstyp hat nur bei den Feldleistungsmerkmalen keinen Einfluss, während er bei den Stationsmerkmalen sehr unterschiedlich ausfiel, ohne dass ein Trend feststellbar war. In der Literatur wird der Geburtstyp vor allem in Verbindung mit dem Geburtsgewicht gesehen. Zwillinge/Drillinge haben ein niedrigeres Geburtsgewicht als Einlinge (KRAUS et al., 2001, NSOSO et al., 1999). Das niedrigere Geburtsgewicht wird von mehreren Autoren in enger Korrelation mit den späteren Verlusten und niedrigem Wachstum gesehen (PETERS et al. 1993, SÜSS und KÖNIG, 1986). Auch PITCHFORT et al. (1993) stellten fest, dass Einlinge bei der Geburt 21 % mehr wogen als Mehrlinge und eine um 15 % höhere Wachstumsrate hatten.

Das Geschlecht hat einen statistisch gesicherten Einfluss auf die Feldleistungsmerkmale. In der Station wurden nur männliche Tiere geprüft, daher entfällt der Effekt im Modell.

Tabelle 11: Signifikanztests verschiedener Effekte auf ausgewählte Merkmale der Feld- und Stationsprüfung für die untersuchten Schafrassen

	HJS	BNR	GT	GE	LNM	WU	SKMw	RA
Feld								
Lebenstagszunahme	+++	---	n.s.	+++	+	—	—	+++
Bemuskelungsnote	+++	---	—	+	—	—	—	—
Station								
Prüftagszunahme	+++	n.s.	+	—	+	—	—	+++
US-Fettauflage	+++	n.s.	n.s.	—	n.s.	—	++	+++
Fettauflage	+++	n.s.	n.s.	—	n.s.	+++	++	+++
Rückenmuskelfläche	+++	n.s.	n.s.	—	n.s.	—	+++	+++
Nierenfett	+++	n.s.	+++	—	n.s.	—	+++	+++
Anteil wertv. Teilst.	+++	n.s.	n.s.	—	n.s.	—	+++	+++
Rückenlänge	+++	n.s.	n.s.	—	n.s.	—	+++	+++
Keulenlänge	+++	n.s.	n.s.	—	n.s.	—	+++	+++
Keulenumfang	+++	n.s.	n.s.	—	n.s.	—	+++	+++
Buglänge	+++	n.s.	n.s.	—	n.s.	—	+++	++
Vhaxengewicht	+++	n.s.	n.s.	—	n.s.	—	+++	+++
Brustgewicht	+++	n.s.	+++	—	n.s.	—	+++	+++
Rueckengewicht	+++	n.s.	+++	—	n.s.	—	+++	n.s.
Halsgewicht	+++	n.s.	+++	—	n.s.	—	+++	+++
Keulengewicht	+++	n.s.	+++	—	n.s.	—	+++	+++
Hhaxengewicht	+++	n.s.	+++	—	n.s.	—	+++	+++
Keulenpunkte	+++	n.s.	+++	—	n.s.	—	+++	+++
Rueckenpunkte	+++	n.s.	+++	—	n.s.	—	+++	+++
KammSchulterPunkte	+++	n.s.	++	—	n.s.	—	+++	+++
Fettauflage	+++	n.s.	n.s.	—	n.s.	—	+	+++
Muskeldicke	+++	n.s.	n.s.	—	n.s.	—	+++	+++

n.s.: nicht signifikant; + : signifikant ($p < 0,05$) ; ++ : sehr signifikant ($p < 0,01$); +++ : hoch signifikant ($p < 0,001$)

Die Anzahl der Laktationen der Mutter wie auch der Wurfumwelteffekt sind im Modell statistisch nicht signifikant. In verschiedenen Untersuchungen wurde der Einfluss des Alters der Mutter auf die tägliche Zunahme und die Gewichtsentwicklung nachgewiesen (HASSEN et al. 2003, RAO und NOTTER 2000, MARIA 1995). Nach KEFELGEN (2000) sind die besten Ergebnisse mit 3 bis 5 jährigen Mutterschafen zu erzielen. Bei älteren Tieren war dieser Einfluss allerdings nicht mehr oder nur in geringem Maße nachweisbar.

Die Schlachtkörpermasse (SMMw) und die Rasse sind in das Modell aufzunehmen, weil sie einen signifikanten Einfluss haben.

4.3 Modellszenarien

Ausgehend von diesen Resultaten und den Ergebnissen der Literatur wurden für die einzelnen Merkmalskomplexe Modelle aufgestellt, mit denen im Weiteren die Parameterschätzung durchgeführt wurde. Die Parameter in den Modellen wurden mit dem Programmpaket VCE 4.0 (GROENEVELD, 1998) geschätzt.

In Tabelle 12 sind die für die Parameterschätzung verwendeten Modelle dargestellt. Das Modell für die Mast- und Schlachtleistung wird wegen nicht zureichender Vernetzung getrennt für die Feldprüfung und die Stationsprüfung berechnet. HJS bedeutet hier den Prüfort in Verbindung mit dem Jahr und der Saison. BNR ist der Herkunftsbetrieb. Weiterhin fließen der Geburtstyp des Lammes und das Geschlecht als fixe Effekte ein. Die Aufzuchtbedingungen des Lammes werden im zufälligen Wurfumwelt-Effekt berücksichtigt. Die Schlachtkörpermasse-warm (SKMW) und die Lebendmasse (LM) sind Kovariablen.

In Tabelle 12 sind für jeden Merkmalskomplex das Modell angegeben sowie unter Stufen die Besetzung der Effekte für die einzelnen Rassekomplexe. Sie liegen beispielsweise für die Fleischschafzuchten (FLR) 216 Herde-Jahr-Saison-Effekte vor. Insgesamt lagen 9876 Tierleistungen vor, die von 3393 Tieren stammten.

Unter Modell sind die einzelnen Merkmale aufgeführt und wie die einzelnen Effekte im Modell eingebunden sind - fix (F), zufällig (Z), als Covariable (C) oder als Tiereffekt(A).

Tabelle 12: Modelle in Abhängigkeit von Leistungsmerkmalen für die Schätzung der genetischen Parameter

Mast- und Schlachtleistung										
		$y_{ijklmnop} = \mu + HGJS_i +$	$ZÜ_j +$	$GT_k +$	$GE_l +$	$RA_m + WU_n$	$b(SKMW_o) + b(LM_o) +$	$TI_p +$	$e_{ijklmnop}$	
Stufen	FLR	43	16	3	2	3	1113			3031
	MER	56	15	3	1	2	2435			5930
Modell	LTZ	F	-	F	F	F	R-	-	-	A
	BM	F	-	F	F	F	R	-	C	A
Stufen	FLR	38	14	2	1	3	252			319
	MER	32	10	2	1	2	190			314
Modell	FA	F	F	F	-	F	R	C	-	A
	NF	F	F	F	-	F	R	C	-	A
	RMFL	F	F	F	-	F	R	C	-	A
	AWTS	F	F	F	-	F	R	C	-	A
	PTZ	F	F	F	-	F	R	C	-	A

Mast- und Schlachtleistung:

Lebenstagszunahme	= LTZ	(Feldprüfung)
Bemuskelungsnote	= BM	(Feldprüfung)
Fettauflage	= FA	(Stationsprüfung)
Rückenmuskelfläche	= RMFL	(Stationsprüfung)
Nierenfett	= NF	(Stationsprüfung)
Anteil wertvoller Teilstücke	= AWTS	(Stationsprüfung)
Prüftagszunahme	= PTZ	(Stationsprüfung)
$y_{ijklm} / ijklmnop$	=	Beobachtungswert des m-ten Tieres
μ	=	Populationsmittel
HGJS	=	Herde-Geburtsjahr-Saison
ZÜ	=	Züchter
GT	=	Geburstyp
GE	=	Geschlecht
WU	=	Wurfumwelt
LM	=	Lebendmasse
SKMW	=	Schlachtkörpermasse-warm
RA	=	Rasse
TI	=	Tier (Gesamt/mit Leistung)

4.4 Heritabilitäten

Im Rahmen der nächsten Tabellen werden die genetischen Parameter (Heritabilitäten und genetische Korrelationen) für die erfassten Merkmalen nach verschiedenen Gesichtspunkten dargestellt. Die genetischen Parameter wurden für verschiedene Rassen oder Rassegruppen berechnet. Sofern es ausgehend von den Tierzahlen sinnvoll erschien, wurden die genetischen Parameter für die einzelnen Rassen geschätzt. Danach dieselben Parameter für die Rassegruppen MER und FLR und es wurden Parameter über alle Rassen hinweg geschätzt.

In der Tabelle 13 sind die Merkmale der Mast- und Schlachtleistung über alle Schafrassen hinweg dargestellt. Feld- und Stationsmerkmale wurden in je extra Modellen untersucht, weil Modelle mit allen Merkmalen nicht konvergiert sind. Die Verknüpfung von Feld- und Stationsmerkmalen ist für eine derartige Schätzung nicht ausreichend. Es wurde daher ein Zwei-Merkmal-Modell für die Feldmerkmale LTZ und BM gerechnet und ein Sechs-Merkmal-Modell für die Stationsmerkmale.

Für die LTZ beträgt die Heritabilität 0,5 bei einem Standardfehler von 0,03. Die phänotypische Korrelation zwischen LTZ und BM beträgt 0,29. Hier werden keine Schätzfehler ausgewiesen. Die genetische Korrelation zwischen beiden Merkmalen ist 0,39 bei einem sehr hohen Standardfehler von 0,23. Vergleichsweise hoch sind die Heritabilitäten der Stationsmerkmale mit über 0,7 bei FA, NF, PTZ und USFA bei relativ geringen Standardfehlern.

Tabelle 13: Genetische Korrelationen (untere Dreiecksmatrix) und Heritabilitäten (Diagonale) für die Merkmale der Mast- und Schlachtleistung über alle Schaf-rassen

	LTZ	BM	FA	RMFL	NF	AWTS	PTZ	USFA
Lebenstagszunahme	,50±,03	,29						
Bemuskelungs-note	,39±,23	,11±,07						
Fettauflage			,86±,04	,01	,16	,18	,08	,31
Rückenmuskel-fläche			,09±,05	,63±,04	-,01	,31	,04	,001
Nierenfett			,19±,04	-,15±,05	,85±,03	,25	,05	,06
Ant. Wertvoll. Teilstücke			,27±,07	,39±,07	,26±,07	,34±,05	,15	,16
Prüftagszu-nahme			,07±,04	,00±,04	,10±,04	,10±,04	,88±,03	-,11
Ultraschall-messung Fett			,33±,04	,03±,05	,13±,04	,52±,07	-,20±,04	,87±,03

In Tabelle den 14 und 15 wurden genetische Parameter für die beiden Rassekomplexe Merino-rassen und Fleischschaf-rassen geschätzt. Auch wenn hier die Rassen in den Komplexen ähnlicher sind, dürfte doch noch genetisch bedingte Rasseunterschiede die Schätzung verzerren, wenn auch in geringerem Maße als bei der Gesamtschätzung. Allerdings umfassen die Schätzungen weniger Leistungen, was die Genauigkeit der Schätzung beeinträchtigen dürfte.

Im Vergleich zur Gesamtschätzung verringern sich bei den Merinorassen die Heritabilitäten der Feldleistungsmerkmale auf 0,32 (LTZ) und 0,02 (BM). Die genetische Korrelation ist nicht schätzbar. Bei den Fleischschaf-rassen entspricht die Heritabilität in etwa der Gesamtschätzung. Die genetische Korrelation ist praktisch null.

Tabelle 14: Genetische Korrelationen (untere Dreiecksmatrix) und Heritabilitäten (Diagonale) für die Merkmale der Mast- und Schlachtleistung bei den Merinorassen (gesamt)

	LTZ	BM	FA	RMFL	NF	AWTS	PTZ	USFA
Lebenstagszunahme	,32±,03	,18						
Bemuskelungsnote	-1,00±,00	,02±,02						
Fettauflage			,82±,04	-,01	,16	-,06	,02	,27
Rückenmuskelfläche			,06±,12	,47±,06	-,10	,13	-,04	,06
Nierenfett			,22±,15	-,26±,16	,71±,05	-,27	,07	-,03
Ant. Wertv. Teilstücke			-,28±,24	,65±,19	-,78±,24	,31±,14	,02	,05
Prüftagszunahme			-,04±,29	-,19±,19	,16±,19	,08±,39	,93±,02	-,11
Ultraschall-FA			,31±,59	-,06±,56	-,02±,64	,15±,49	-,17±,57	,87±,01

In der Literatur werde für die Lebenstagszunahme und die Bemuskelungsnote h^2 -werte von 0,11 bis 0,36 bzw. 0,2 bis 0,39 angegeben (MÜLLER, 1995, GÖHLER und WALTHER, 1984). Die Heritabilitäten der Stationsmerkmale sind allesamt überschätzt. In der Literatur sind diese Werte zum Teil deutlich niedriger. Für das Nierenfett werden Heritabilitäten zwischen 0,11 und 0,53 ausgewiesen (MÜLLER, 1995; BENNETT et al. 1991). Die mit Ultraschall gemessene Fettauflage hat in der Literatur eine Heritabilität zwischen 0,11 (Feld) und 0,29 (Station) (MÜLLER, 1995). Für die Rückenmuskelfläche findet GÖHLER (1979) bei verschiedenen Rassen Erbliehkeiten von 0,39.

Tabelle 15: Genetische Korrelationen (untere Dreiecksmatrix) und Heritabilitäten (Diagonale) für die Merkmale der Mast- und Schlachtleistung bei den Fleischschaffrassen (gesamt)

	LTZ	BM	FA	RMFL	NF	AWTS	PTZ	USFA
Lebenstagszunahme	,50±,06	,28±						
Bemuskelungsnote	,05±,31	,17±,11						
Fettauflage			,78±,06	-,13	,20	,05	,11	,29
Rückenmuskel-fläche			-,25±,09	,65±,09	,02	,27	,02	,05
Nierenfett			,50±,09	-,07±,10	,47±,08	,20	,04	,12
Ant. Wertv. Teilstücke			-,03±,12	,25±,13	,38±,12	,38±,10	,11	,30
Prüftagszunahme			,18±,07	-,02±,08	,18±,09	,08±,08	,89±,06	,15
Ultraschall-FA			,20±,08	-,04±,08	,47±,09	,58±,08	-,16±,07	,78±,06

Die h^2 -Werte der Stationsmerkmale bleiben bei beiden Rassegruppen auf hohem Niveau. Die genetischen Korrelationen unterscheiden sich zwischen beiden Rassegruppen zum Teil erheblich. So sind beispielsweise die Vorzeichen zwischen dem Anteil wertvoller Teilstücke und dem Nierenfett umgekehrt (-0,78 und 0,38).

5 Zusammenfassung

Die Sächsische Schafzucht zeichnet sich durch ein umfassendes Prüfsystem aus. In der Mast- und Schlachtleistung wird mit ca. 40 bis 50 kg die Lebenstagszunahme erfasst, zusammen mit der Bemuskelungsnote und den Ultraschallwerten Muskeldicke und Fettauflage. Parallel dazu werden 8 männliche Tiere pro Bock und Herkunft in der Prüfstation geprüft. Die Schlachtergebnisse werden in einem Index zusammengefasst. Zusätzlich liegen im Herdbuch umfangreiche Daten zur Fruchtbarkeit sowie die Milchleistungsprüfergebnisse von Milchschaafen und Ziegen im Sächsischen Landeskontrollverband e.V. vor.

Allen Prüfungen ist gemeinsam, dass die Ergebnisse dem Züchter übermittelt werden, ohne allerdings einen Hinweis auf die genetische Qualität seiner Zuchttiere zu geben. Dafür wären biostatistische Verfahren notwendig, die zum Zeitpunkt in der sächsischen Schaf- und Ziegenzucht nicht angewendet werden.

Mit dem vorliegenden Projekt wurden die Leistungsmerkmale Fruchtbarkeit, Mast- und Schlachtleistung sowie der Milchleistungsprüfung systematisch mit dem Ziel analysiert, Modelle für eine BLUP-Zuchtwertschätzung zu entwickeln.

In die Untersuchung wurden folgende Merkmale einbezogen: Lebenstagszunahme (LTZ), Bemuskelungsnote (BN) für die Feldprüfung, Fettauflage (FA), Rückenmuskelfläche (RMFL), Nierenfett (NF), Anteil wertvoller Teilstücke (AWTS), Prüftagszunahme (PTZ) für die Stationsprüfung.

In der sächsischen Herdbuchzucht sind gegenwärtig ca. 7000 aktive Zuchttiere eingetragen. Der Umfang der einzelnen Rassen liegt zwischen 20 und 1200 aktiven Herdbuchtieren. Im Vergleich zu anderen Tierarten ist das für eine Parameterschätzung zu wenig. Deshalb wurden die Rassen Texel, Schwarzköpfiges Fleischschaf und Suffolk zur Gruppe „Fleischschafassen (FLR)“ zusammengefasst und das Merinofleisch- und Merinolandschaf zur Rassegruppe „Merino (MER)“.

Für die Merkmale der Feld- und Stationsprüfung wurden getrennte Modelle aufgestellt, da die Vernetzung der Leistungen sehr gering war. Als fixe Faktoren wurde der Herde-Jahr-Saison-Effekt, der Züchter, der Geburtstyp der Lämmer, die Rasse und das Geschlecht berücksichtigt. Covariablen waren die Lebendmasse und die Schlachtkörpermasse. Als zufällige Effekte wurden die Wurfumwelt und das Tier definiert.

Die h^2 -Werte der Stationsmerkmale sind in beiden Rassegruppen sehr hoch und liegen zwischen 0,3 und 0,9 mit Ausnahme der Bemuskelungsnote, deren Erblichkeit zwischen 0,02 und 0,11 lag. Das insgesamt sehr hohe Niveau der Heritabilitäten deutet auf eine Überschätzung hin, die im Wesentlichen auf die geringen Tierzahlen und auf die Zusammenfassung von Rassen zu Rassegruppen zurückzuführen ist.

Für eine Zuchtwertschätzung sollte nicht auf diese Schätzwerte zurückgegriffen werden, stattdessen sollten Literaturwerte verwendet werden. Es wird vorgeschlagen, mit einer verbesserten Datengrundlage und modifizierten Modellen die Schätzungen zu wiederholen, um verlässlichere Parameter zu erhalten. Als Zuchtzielmerkmale werden die LTZ, die Bemuskelungsnote und die Ultraschall-Fettauflage aus der Feldprüfung vorgeschlagen und die Fettauflage, der Nierenfett und die Rückenmuskelfläche als Merkmale aus der Stationsprüfung.

6 Literaturverzeichnis

- AI RIKABIAI SUKKARI, M.F (1989): Mastleistung und Schlachtkörperzusammensetzung von Merinofleischschafen und Masthybriden bei unterschiedlicher Mastendmasse und verschiedener Fütterungsintensität Diss., Universität Leipzig.
- BATHAEI, S. S., P. L. LEROY (1997): Note on age and body weight at puberty in Mehraban Iranian fat-tailed ewe lambs Trop, Animal Health Production, 29: 55 – 59
- BENNETT, G. L., D. L. JOHNSON., A. H. KIRTON., A. H. CARTER (1991): Genetic and environmental effects on carcass characteristics of Southdown x Romney lambs:II. Genetic and phenotypic variation, J. Anim. Sci. 69(5), 1864-74.
- BROMLEY, C. M., L. D. VAN VLECK., G. D. SNOWDER (2001): Genetic correlations for litter weight weaned with growth, prolificacy and wool traits in Columbia, Polypay, Rambouillet and Targhee sheep, J. Anim. Sci. 79, 339-346
- BRUNS; E. (1985): Die Entwicklung von Selektionskriterien für die Reitpferdezucht. V. Phänotypische und genetische Parameter und Selektionsindices für eigenleistungsgeprüfte Hengste, Züchtungskunde 57, 172-182
- CONINGTON, J., S. C. BISHOP., A. WATERHOUSE., G. SIMM (1995): A genetic analysis of early growth and ultrasonic measurements in hill sheep, Anim. Sci., 61; 85-93
- CONINGTON, J., S. C. BISHOP., A. WATERHOUSE., G. SIMM (1998): A comparison of growth and carcass traits in Scottish Blackface lambs sired by genetically lean or fat rams, Anim. Sci. 67; 299-309
- EL KASHAB, S., E. KALLWEIT (1981): Lämmermastversuch mit verschiedenen Schafrassen und Kreuzungen unter Berücksichtigung verschiedener Einflussfaktoren, Landbauforschung Völkenrode, 31: 202 – 212
- EL-FADILI, M., C. EL. MICBAUX., J. DETILLEUX., P. L. LEROY (2000): Genetic parameters for growth traits of the Moroccan Timahdit breed of sheep, Small Rumin. Res. 37, 203-208.
- GILMOUR, A. R., A. F. LUFF., N. M. FOGARTY., R. BANKS (1994): Genetic parameters for ultrasound fat depth and eye muscle measurements in live Poll Dorset sheep, Austr. J. Agric. Res. 45, 1281-1291.
- GÖHLER, H. (1979): Untersuchungen zur Bestimmung der Körperentwicklung und des Schlachtkörperwertes bei Lämmern, Diss. Karl-Marx-Universität Leipzig
- GÖHLER, H., R. WALTHER (1984): Zu einigen Aspekten bei der Züchtung der Fleischschafpopulationen, Arch. Tierzucht. 27:293-301
- GROENEVELD, E (1998): VCE; Documentation
- HAGGER, C (1998): Litter, permanent environmental, ram-flock, and genetic effects on early weight gain of lambs, J. Anim. Sci. 76, 452-457.
- HASSEN, Y., B. FUERST-WATTL., J. SÖLKNER (2003): Genetic parameter estimates for birth weight, weaning weight and average daily gain in pure and crossbred sheep in Ethiopia, J. J. Anim. Sci. 120, 29-38
- HENDERSON, C.R. (1974): General flexibility of linear model technique for sire evaluation, J. Dairy Sci. 57, 963-972
- KALLWEIT, E., D. SMIDT (1981): Möglichkeiten zur Verbesserung der Fruchtbarkeit und Verminderung von Aufzuchtverlusten in der Schafzucht, Züchtungskunde, 53: 435 – 450

- KEFELEGN, K. (2000): Schätzung genetischer Populationsparameter und Zuchtwerte für Merkmale der Fleischleistung beim Schaf, Diss., Inst. F. Tierzucht und Tierhaltung, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
- KRAUS, M., H. KRICK., P. FREUDENREICH., R. BEUING., M. GAULY., G. QUANZ., W. BRANSCHIED UND G. ERHARDT (2001): Genetische und umweltbedingte Einflüsse auf die Verfettung und Fettqualität bei Merinolandschafälammern, Züchtungskunde, 73, (2) S. 149-160.
- LEE, J. W., D. F. WALDRON., L. D. VAN VLECK (2000): Parameter estimates for number of lambs born at different ages and 18-month body weight of Rambouillet sheep, J. Anim. Sci. 78, 2086-2090
- MARIA, G. A (1995): Estimates of variances due to direct and maternal effects for reproductive traits of Romanov sheep, Small Rumin. Res. Volume 18, Issue 1, Pages 69-73.
- MOUSA, E., L. D. VAN VLECK., K. A. LEYMASTER. (1999): Genetic parameters for growth traits for a composite terminal sire breed of sheep, J. Anim. Sci. 77, 1659-1665
- MÜLLER, U. (1995): Planungsrechnungen zur Optimierung von Zuchtsystemen für die Verbesserung der Mastleistung und Schlachtkörperqualität der Rasse Merinofleischschaf unter Verwendung des Ultraschallmeßverfahrens am lebenden Tier, Diss. Universität Leipzig
- NESER, F. W. C., G. J. ERASMUS., J. B. VAN WYK (2000): Genetic parameter estimates for pre-weaning growth traits in Dorper sheep, S. Afr. J. Anim. Sci. 30 (sup.): 99-101
- NSOSO, S. J., M. J. YOUNG., P. R. BEATSON (1999): Correlated responses in greasy fleece weight in Border Leicester and Coopworth sheep breeds selected for lean tissue growth rate, Small Rumin. Res. 34, 149-154.
- OKUT, H., C. M. BROMLEY., L. D. VAN VLECK AND G. D. SNOWDER (1999): Genotypic expression at different ages: I. Prolificacy traits of sheep, J. Anim. Sci. 77, 2357-2365.
- PETERS, H. U., I. BREDNO (1993): Untersuchungen über Milchleistung und -inhaltsstoffe bei Ostfriesischen Milchschaafen, Deutsche Schafzucht, 10, 232-234
- PITCHFORD, W. (1993): Growth and lamb performance of ewe from crosses between the Dorset Horn, Merino and Corriedale, Livest. Prod. Sci., 33: 127 – 139
- PREISINGER, R. (1999): Zuchtwertschätzung nach dem BLUP-Tiermodell – Theoretische Grundlagen, Betriebswirtschaftliche Mitteilung der Landwirtschaftskammer Schleswig-Holstein, no. 424-425; 63-67
- PREISINGER, R. UND T. SAVAS (1997): Vergleich zweier Methoden zur Schätzung der Varianzkomponenten für Leistungsmerkmale bei Legehennen, Züchtungskunde 69, 142-152
- RAO, S., D. R. NOTTER (2000): Genetic analysis of litter size in Targhee, Suffolk, and Polypay sheep, J. Anim. Sci. 78, 2113-2120
- REENTS, R., L. DOPP., F. REINHARDT UND M. SCHMUTZ (1998): Beschreibung des Zuchtwertschätzverfahrens für Milchleistungen (Testtagtiermodell) In: Aktueller Stand und neue Entwicklungen der Zuchtwertschätzung beim Rind; DGFZ-Schriftenreihe; Heft 11 S. 16-33
- STRITZKE, D., J. WHITEMAN (1982): Lamb growth patterns following different seasons of birth, J. Anim. Sci., 55: 1002 – 1007
- SÜß, R., K. H., KÖNIG (1986): Die Bedeutung der Geburtssmasse für eine verlustarme Lammaufzucht, Tierzucht 40:7, 300 – 302

- SWALVE, H. (1998): Theoretische Grundlagen der Zuchtwertschätzung, In: Aktueller Stand und neue Entwicklungen der Zuchtwertschätzung beim Rind; DGFZ-Schriftenreihe; Heft 11 S. 7-15
- WOLLNY, T. (2000): Mutterlose Aufzucht von Heidschnuckenlämmern unter besonderer Berücksichtigung der Anwendung eines Tränkeautomaten, Diss. Tierärztliche Hochschule Hannover
- WULIJI, T., K. G. DODDS., R. N. ANDREWS., P. R. TURNER AND R. WHEELER (1998): Responses to fleece weight selection and heritability estimates of wool characteristics in romney sheep, 6th World Congr. Gen. Appl. Livest. Prod., 24, 55-58.
- ZHOU, H.M., D. ALLAIN, J.Q. LI, W.G. ZHANG, X.C. YU (2002): Genetic parameters of production traits of Inner Mongolia cashmere goats in China, J. Anim. Breed. Genet. 119, 385-390

Entwicklung von Resistenzprogrammen für die Schafrassen in Sachsen

*Dr. Regina Walther, Rainer Thiele, Katrin Diener, Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft;
Hanno Franke, Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.*

Inhalt

- 1 Einleitung und Problemstellung
- 2 Literatur
 - 2.1 Geschichte und Verbreitung, Definition
 - 2.2 klinische Symptome
 - 2.3 Übertragungswege
 - 2.4 Prophylaxe und Bekämpfung
- 3 Material und Methode
 - 3.1 Material
 - 3.2 Methode
- 4 Ergebnisse
- 5 Zusammenfassung und Schlussfolgerungen
- 6 Literaturverzeichnis

1 Einleitung und Problemstellung

Entsprechend einer Entscheidung der Europäischen Kommission vom 13. Februar 2003 müssen alle Mitgliedsstaaten ab dem 01.01.2004 Züchtungsprogramme für Schafe mit dem Ziel einführen, die Resistenz gegen über der Erkrankung an Scrapie in ihren Herden zu verbessern.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Ebenso wie BSE und die Kreutzfeld-Jakob-Krankheit gehört Scrapie zur Gruppe der "Transmissiblen spongiformen Enzephalopathien". Hieraus resultiert, dass zur Verbreitung neben dem Export von Zuchttieren auch die Fütterung verarbeiteter Tierkörper infizierter Tiere beitragen kann.

In der wissenschaftlichen Literatur wird ein Zusammenhang zwischen dem Grad der Empfänglichkeit für die Scrapie-Krankheit mit bestimmten Genvarianten am Prion-Proteingenort beschrieben. Aufgrund dieser Varianten werden Tiere verschiedenen Risikogruppen der Scrapie-Empfänglichkeit zugeordnet.

Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapie-Erkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Das Spongiform Encephalopathy Advisory Committee (SEAC) des Vereinigten Königreiches empfahl 1998 einen nationalen Scrapie - Plan (NSP) zur Kontrolle und Ausrottung von Scrapie. Dafür wurde ein anerkanntes Klassifizierungs-System erarbeitet (R1 – R5). Dieses wurde 2001 durch den „Governments National Scrapie plan (NSP)“, ersetzt. Im Unterschied zu der alten Klassifizierung, die nur gegen Scrapie ausgelegt war, ist der NSP darauf gerichtet gegen alle Arten von „Spongiform Encephalopathies“ (TSE) zu schützen. Die Einteilung erfolgt von G1 – G5.

Diese Empfehlung wurde durch das BMVEL (Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft) aufgegriffen und für die Scrapie-Genotypisierung festgelegt. Die individuelle Genotypisierung der Schafe ist auch von Bedeutung, wenn nach der Erkrankung eines einzelnen Tieres über das Schicksal der anderen Tiere in der betroffenen Herde entschieden werden muss und die resistenten Genotypen verschont werden können.

Im Freistaat Sachsen wird seit dem Jahr 2001 unter Projektleitung der Sächsischen Landesanstalt für Landwirtschaft, des Sächsischen Schaf- und Ziegenzuchtverbandes e.V. und mit Unterstützung des Sächsischen Staatsministeriums für Umwelt und Landwirtschaft die Genotypisierung der Zuchtbestände durchgeführt.

Der vorliegende Beitrag stellt eine Zusammenfassung des Abschlussberichts dar (DR. WALTHER, R. THIELE, R. UND FRANKE, H. 2005)

2 Literatur

2.1 Geschichte und Verbreitung, Definition

Scrapie gehört zu einer Gruppe von übertragbaren, langsam und progressiv verlaufenden Erkrankungen des Zentralnervensystems (ZNS), die bei zahlreichen unterschiedlichen Spezies vorkommen und die nach einer sehr langen Inkubationszeit zu einer stets tödlich verlaufenden Degeneration des Zentralnervensystems führen. Verursacher sind infektiöse Proteine (= Prionen).

Zu den **Prionen-Erkrankungen** zählen Scrapie bei Schaf und Ziege, **BSE** bei Rindern und verwandten Arten, das chronic wasting disease amerikanischer Hirsche, die Creutzfeldt-Jakob-Krankheit, **Kuru**, das Gerstmann-Sträussler-Scheinker-Syndrom und die fatale familiäre Schlaflosigkeit beim Menschen sowie verwandte Krankheiten bei Katzenartigen und Nerzen gehören.

Das einheitliche schwammähnliche histologische Bild der veränderten Gehirnabschnitte gab der ganzen Krankheitsgruppe den Namen: *Transmissible spongiforme Enzephalopathien (TSE)*.

Bei Scrapie existieren mehr als 20 Stämme, die oft nur durch aufwändige Untersuchungen zu unterscheiden sind. Außer dem wurde erstmals 1998 die so genannte „atypische“ Scrapie entdeckt. Bei diesen Fällen ist die Verteilung der Hirnveränderungen deutlich anders als bei klassischen Scrapie-Fällen; es ist hauptsächlich das Kleinhirn und nicht der hintere Hirnstamm betroffen (ANDRZEJEWSKI, 2005).

Mit dem Auftreten der Rinderkrankheit BSE kam die Frage auf, ob BSE auch auf Schafe und Ziegen übertragen werden kann. In Laborversuchen ist es Wissenschaftlern schon vor Jahren gelungen, Schafe und Ziegen experimentell mit BSE zu infizieren. Dazu genügte die orale Verabreichung von nur 0,5 g infiziertem Rinderhirn. Nach der experimentellen Übertragung ähnelte die Verteilung des infektiösen Agens in den Organen derjenigen bei Scrapie, das heißt, dass die Infektion in vielen Organen zu finden war. 2005 wurde BSE erstmals [bei einer Ziege aus Frankreich](#) bestätigt (BMVL, 2005)

2002 entdeckte Frankreich eine Ziege mit Veränderungen im Gehirn. Verschiedene Labortests brachten keine Klärung, ob das Tier nun von Scrapie oder BSE infiziert war. In solchen Fällen werden mehrjährige Versuche nötig. Diese sind nun abgeschlossen und belegen die BSE-Erkrankung des Tieres.

Die Bezeichnungen "Scrapie" und dessen Synonyme beziehen sich auf die Kardinalsymptome dieser Krankheit: Scrapie (von to scrape = sich kratzen), Traberkrankheit (von Traben) und Tremblante (von Muskelzittern). Scrapie kommt bei Schafen und bei Ziegen vor, letztere ist seltener betroffen.



Abbildung 1: Wundgeschauertes Tier (Texel – Archiv Foto)

Prion, ist das von Stanley Prusiner 1982 eingeführte Kunstwort für proteinaceous infectious particles (infektiöses Eiweiß), mit dem er der von Griffith formulierten Protein only Hypothese einen griffigen Namen gab. **Das Prionenprotein besteht aus 256 Aminosäuren und wird vom PrP-Gen kodiert.**

Dabei bezeichnet man als **Codon** eine in [mRNA](#)-Molekülen vorkommende Sequenz von drei [Nukleotiden](#), die im [genetischen Code](#) eine [Aminosäure](#) codiert. Insgesamt existieren $4^3 = 64$ mögliche Codons, davon werden drei als Stopp-Sequenz benutzt, die restlichen 61 codieren insgesamt 20 proteinogene Aminosäuren.

Diese Gene treten in verschiedenen Kombinationen in jedem Tier immer in zweifacher Ausfertigung auf, weil ein Gen vom Vater und ein Gen von der Mutter abstammen. Jedes Elterntier vererbt nach dem Zufallsprinzip jeweils ein Gen weiter. Sind beide Tiere reinerbig (homozygot), dann haben alle Nachkommen die gleiche Genkombination. Innerhalb der Prionenproteine treten die Aminosäuren an verschiedenen Positionen auf, je nach Position und Aminosäure ergibt sich eine Anfälligkeit für Scrapie.

Entscheidend für die Resistenz sind die Aminosäuren an drei Positionen des Prionproteins. Je nach Entsprechend der Position sind dabei folgende Aminosäuren möglich:

Alanin (A) Histidin (H) Glutamin (Q) Arginin (R) Valin (V) – daraus ergibt sich folgende Konstellation:

Codon Nr.	Sequence	Aminosäure
136	GCt CGt	Valin (V) Histitin (H)
171	CGg CaG caT	Arginin ® Glutamin (Q) Histitin (H)

Im Gentest werden alle Varianten (Mutationen) der drei entsprechenden Codons 136, 154 und 171 analysiert. Nach der Empfehlung des BMVEL und der Projektgruppe der Deutschen Gesellschaft für Züchtungskunde (DGfZ) zur Züchtung auf TSE-Resistenz bei Schafen werden die Schafe in folgende Genotypklassen eingeteilt:

Genotypklasse.	Genotyp	Resistenz
G1	ARR/ARR	hoch
G2	ARR/AHQ, ARR/ARH, ARR/ARQ	gut
G3	AHQ/AHQ, AHQ/ARH, AHQ/ARQ, ARH/ARH, ARH/ARQ, ARQ/ARQ	geringer
G4	ARR/VRQ	anfällig
G5	AHQ/VRQ, ARH/VRQ, ARQ/VRQ, VRQ/VRQ	stark anfällig

Dies entspricht dem Bild der klassischen Scrapie. Die atypische Scrapie weicht von dieser Aufteilung ab und die Genotypenverteilung kann auf ARQ-ARR-AHQ verteilt sein.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt. Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Suffolk, Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaaf u.a.) Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

2.2 Klinische Symptome

Die klinischen Erscheinungen der Scrapie setzen sich nach Literaturangaben aus Verhaltensänderungen, Bewegungsstörungen und Sensibilitätsstörungen zusammen. Volkstümliche Bezeichnungen wie: Schruckigsein, Traberkrankheit, Gnubberkrankheit oder Wetzkrankheit beschreiben bereits einen Teil der Symptomatik. Erkrankungen treten meist bei zwei bis fünf Jahre alten Schafen mit einem Befallsmaximum bei dreijährigen Tieren auf. Inkubationszeit und Ver-

lauf hängen vom Infektionsweg, von der Infektion des Scrapie-Stammes und von der genetisch festgelegten Resistenz des infizierten Tieres ab. Die Krankheitsdauer kann daher zwischen wenigen Wochen und mehreren Monaten variieren. In manchen Herden werden zu Krankheitsbeginn überwiegend zentralnervöse Ausfallserscheinungen beobachtet, während in anderen Herden Juckreiz und Wollausfall dominieren. Tierexperimentell lassen sich mindestens fünf unterschiedliche Scrapie Erreger-Stämme differenzieren (BRAUN, 1996). Im Endstadium mageren alle erkrankten Tiere stark ab, werden zunehmend schwächer und kommen schließlich zum Festliegen (SCHULZE 1969). In England (MORGAN et al. 1990) und in den Niederlanden (SCHREUDER et al. 1993) wurde in scrapieverseuchten Herden eine jährliche Erkrankungsrate zwischen 0,5 und 1,1 Fällen pro 100 Schafe ermittelt. Weil immer nur einzelne Schafe sterben, sind die jährlichen wirtschaftlichen Verluste in betroffenen Herden nicht allzu groß und es kann lange dauern, bevor die Scrapie als infektiöses Bestandsproblem erkannt wird.

Die Auffälligkeiten im Verhalten zu Krankheitsbeginn können von Schläfrigkeit bis hin zu Ruhelosigkeit, Schreckhaftigkeit und Übererregbarkeit mit Zittern und plötzlichen Niederstürzen, variieren.

Die Sensibilitätsstörungen äußern sich meist als Juckreiz an Schwanzansatz, Schenkeln und Flanken. Das Benagen und Scheuern dieser Körperregionen führt zu Wollausfall und zu oberflächlichen Hautschädigungen. Während sich die Tiere scheuern oder auch, wenn man ihnen den Rücken massiert, heben sie den Kopf und vollführen knabbernde Bewegungen mit Lippen und Zunge ("Nibbling Reaction").

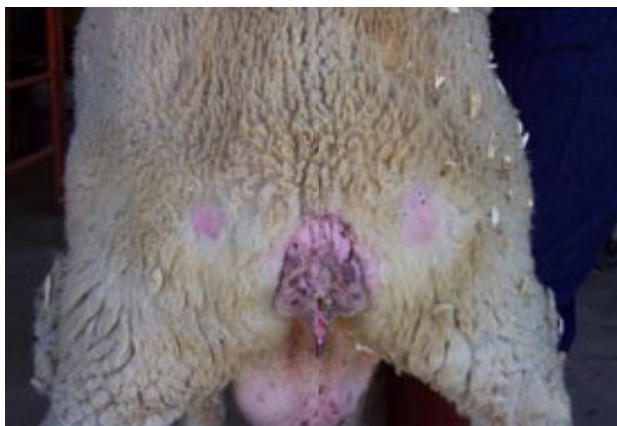


Abbildung 2: Scheuerstellen durch Juckreiz am Schwanzansatz

Erkrankte Schafe verlieren die Fähigkeit, zu galoppieren (daher der Name Traberkrankheit, THOMAS 1834). Sie können sich nur noch in schnellem Trab fortbewegen und sind nicht mehr in der Lage, Hindernisse zu überspringen. Später kommt es zur Ataxie (Störung der Bewegungsabläufe) der Hinterhand. Die Tiere stolpern, wenn sie Drehbewegungen ausführen oder wenn sie versuchen, aus schneller Bewegung zum Stehen zu kommen. Im weiteren Verlauf kommt es

zu fortschreitender Abmagerung und Schwäche, bis die Tiere schließlich nicht mehr aus eigener Kraft aufstehen können.

2.3 Übertragungswege

Die genauen Übertragungswege der Scrapie sind nicht bekannt. Die Erkrankung kann über den Mutterkuchen in der Gebärmutter der Tiere an den Embryo weitergegeben werden. Ferner lässt sich durch Übertragung von Nervengewebe erkrankter Tiere auf gesunde Schafe eine experimentelle Erkrankung erzeugen. Die so erzeugte Traberkrankheit hat einen schwereren Verlauf und führt zu wesentlich deutlichen Veränderungen am Gehirn als die natürliche Infektion. Weiterhin gilt eine Übertragung über infizierte Nahrung wie z.B. über Tiermehl als sehr wahrscheinlich.

In der Herde erfolgt die Ausbreitung meist oral mit der Aufnahme von infektiösem Fruchtwasser und Eihäuten. Lämmer stecken sich während der Geburt an und der Infektionsdruck für das Muttertier erhöht sich nach jeder Ablammung durch das Fressen der Nachgeburt. Ob der Erreger nach oraler Aufnahme mit dem Kot unverändert ausgeschieden wird und so zur Kontamination der Weide beiträgt, ist noch nicht bewiesen, aber wahrscheinlich (FOSTER UND DICKINSON, 1989). In Island gibt es Anhaltspunkte dafür, dass Scrapie auch durch kontaminiertes Futter und Wasser übertragen wird. Als man Scrapie-unverdächtige Lämmer auf verseuchte Weiden brachte, die drei Jahre lang brach gelegen hatten, traten 2 - 4 Jahre später trotzdem wieder Scrapie-Erkrankungen auf (BARLOW 1990). Auch eine umweltbedingte Übertragung ist möglich. In Schottland erkrankten z. B. 1 500 Schafe an Scrapie, nachdem sie zwei Jahre zuvor gegen Looping ill geimpft worden waren - der Impfstoff war unter Verwendung von infizierten Schaffhirnen hergestellt worden (HERBST 1991). Ob auch intrauterine Infektionen möglich sind, wird zurzeit noch kontrovers diskutiert (FOSTER et al. 1992: ja; FOOTE et al. 1993: nein).

Nach oraler Aufnahme ist der Erreger zunächst in lymphatischem Gewebe (Tonsillen, Milz, Lymphknoten) anzutreffen und breitet sich dann hämatogen (BECHT 1991) oder neurogen ascendierend (SCOTT et al. 1990) ins Gehirn und ins Rückenmark aus. Dort führt die Scrapie, besonders im Klein- und Stammhirnbereich zu Degeneration, Nekrose und Vakuolisierung von Ganglienzellen (HIEPE et al. 1973) sowie zur Bildung eines spezifischen Proteins (PrP^{Sc}), das sich zu amophen Amyloidmassen oder zu linearen Gebilden, den 100 - 500 nm langen, elektronenoptisch nachweisbaren Scrapie-assoziierten Fibrillen (SAF), zusammenlagert. (KÜMPER, 1991). Bei der atypischen Scrapie konnte der Erreger nicht im lymphatischen Gewebe nachgewiesen werden (BÜRSTEL, 2005).

Nach neuesten Presseberichten wiesen französische Wissenschaftler erstmals Prionen im Muskelfleisch von Schafen nach. Der Bericht in der Onlineausgabe von Nature Medicine (2004 doi:10.1038/nm1055) dürfte die Verbraucher verunsichern, auch wenn die Autoren um OLIVIER

ANDREOLETTI von der Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse versichern, das Risiko einer Übertragung auf den Menschen sei äußerst gering.

Die Forscher untersuchten sowohl Schafe, die sich auf natürliche Weise angesteckt hatten, als auch Schafe, die durch Injektion von Prionen künstlich infiziert wurden. In einem auf natürliche Weise infizierten Schaf wurden die Prionen bereits acht Monate vor dem Ausbruch der Erkrankung in den Muskelzellen nachgewiesen. Die Empfänglichkeit für Scrapie wird bei Schafen über das Sip-Gen (SIP = Scrapie Incubation Period) mit seinen beiden Allelen sA (erhöhte Empfänglichkeit) und pA (verringerte Empfänglichkeit) genetisch beeinflusst. Homozygote Sip-sAsA Schafe zeigten nach experimenteller Infektion eine mehr als 100 Tage kürzere Inkubationszeit als heterozygote Sip-pAsA Tiere. (FOSTER UND HUNTER 1991)

2.4 Prophylaxe und Bekämpfung

Scrapie ist fast weltweit verbreitet; jedoch bestehen in Bezug auf die Häufigkeit von Land zu Land große Unterschiede.

Gemäß schriftlichen Quellen wurde die Scrapie als Erkrankung von Schafen bereits 1732 beschrieben. In der ersten Publikation über mögliche Ursachen von Scrapie wurde 1848 vermutet, dass sexuelle Überaktivität, Blitzschläge und dergleichen zu dieser Krankheit führen. BESNOIT und MORELI veröffentlichten 1898 die erste neuropathologische Beschreibung von Scrapie. Schon damals erkrankten hochgezüchtete Wollschafe (v.a. Merinos) häufiger an Traberkrankheit als Fleischschafe und Landrassen. Rund zwei Jahrhunderte nach der Erstbeschreibung wurde 1936 eines der wirklichen Geheimnisse dieser komplexen Krankheit gelüftet: CUILLE und CHELLE bewiesen, dass Scrapie eine Infektionskrankheit ist.

WILSON, ein britischer Wissenschaftler, schrieb 1953 nach über 10-jähriger Scrapie-Forschung, dass das filtrierbare Agens (**Agens** = medizinisch wirksamer krankmachender Stoff) im Gegensatz zu damals bekannten Viren einige Besonderheiten aufweise. Er stellte dar, dass es sich um einen sehr exzentrischen Erreger handeln muss und folgerte, dass es kein konventionelles Virus sein könne (KÜMPER, 1996).

Im Jahr 1986 stellte sich heraus, dass der Scrapie-Erreger mit der Verfütterung von ungenügend erhitztem Tierkörpermehl auf Rinder übertragen wird und dort die neue Krankheit Bovine spongiforme Enzephalopathie (BSE) auslöst.

Im 19. Jahrhundert war die Scrapie in Deutschland endemisch und verursachte relativ hohe wirtschaftliche Schäden bei edlen Schafrassen, die langjährig zur Wollproduktion genutzt wurden (BEHRENS 1987). **Endemische Krankheiten** sind Krankheiten, die regelmäßig in einer Population auftreten, wobei die Krankheitsursache ständig präsent ist. Es kommt jedoch nicht zur

Epidemie. Insbesondere um 1840 waren die Hochzuchten der deutschen Merinofeinwollzucht davon besonders betroffen.

Der Handel mit Zuchttieren führte zu einer weltweiten Verbreitung der Erkrankung. Australien und Neuseeland bekämpften die Scrapie vor etwa 40 Jahren durch radikales Keulen aller infizierten Herden, so dass diese beiden Länder heute als scrapiefrei gelten (MARINOVIC UND SENN, 1991). Besonders betroffen durch die Scrapie war vor allem England (MORGAN et al. 1990) und sie zeigt auch in den USA zunehmende Tendenz (WALKER et al. 1991). Auf dem Gebiet der Bundesrepublik Deutschland wurden von 1945 bis 1990 keine Erkrankungen beobachtet. In den Jahren 1990/91 wurde jedoch auch in Deutschland in drei Suffolk Zuchtherden Scrapie diagnostiziert (KÜMPER 1991, STRAUB UND WEILAND 1992), die Scrapie wurde daraufhin wieder in die Liste der anzeigepflichtigen Tierseuchen aufgenommen.

In Sachsen ergab der Schnelltest im Jahr 2003 in drei Herden jeweils an drei geschlachteten Tieren die Diagnose Scrapie. Insgesamt wurden 2843 Tiere genotypisiert und 1463 Tiere notgetötet. Dies führte für die gesamte Schafhaltung nicht nur zu beträchtlichen wirtschaftlichen Schäden, sondern die kontroverse Diskussion um eine mögliche Gefährdung des Menschen rückte die Scrapie auch wieder in den Mittelpunkt des öffentlichen Interesses.

Wegbereiter für die Erarbeitung von Zuchtprogrammen für die Scrapieresistenz wurden die Länder Großbritannien und die Niederlande. Die von HEYNKES geführte Chronik über die Scrapie-Fälle in Deutschland, seit dem 21.05.1985 bis zum 16.06.2005 aufgelistet, enthält 136 Fälle. Im Jahr 2005 konnten bisher 20 Fälle registriert werden, einer davon mit 63 Tieren in Sachsen.

Die Forschungsarbeit zu den genetischen Grundlagen der Resistenzzucht gegen Scrapie bei Schafen wurden dem Institut für Tierzucht der Justus-Liebig-Universität Gießen und dem Friedrich-Loeffler-Institut Greifswald-Insel Riems (FLI) übertragen. Im Januar 2005 legte Professor Georg Erhardt die ersten Zwischenergebnisse vor:

Bei der Untersuchung von insgesamt 69 an Transmissibler Spongiformer Enzephalopathie (TSE) erkrankten Schafherden wurden bei 42 Prozent der TSE-positiven Schafe klassische und bei 58 Prozent atypische Scrapie diagnostiziert.

Während in den elf von typischer Scrapie betroffenen Herden durchschnittlich 5,6 TSE-positive Schafe identifiziert worden seien, habe man in den 55 von atypischer Scrapie betroffenen Herden nur durchschnittlich 1,2 Schafe positiv getestet. Das Auftreten von mehr als einem atypischen TSE-positiven Schaf in sieben Schafherden deute darauf hin, dass bei atypischer Scrapie nicht grundsätzlich von einer spontanen Einzeltiererkrankung ausgegangen werden könne. Schließlich, so Erhardt, könnten atypische TSE-Fälle auch bei resistenten beziehungsweise weitgehend resistent eingestuften Genotypen auftreten.

Diese Ergebnisse haben weitreichende Konsequenzen für die Erstellung von Zuchtprogrammen

3 Material und Methode

3.1 Material

Insgesamt wurden 8 706 Tiere (Lämmer, Jährlinge, Mutterschafe, Böcke) untersucht. Einbezogen waren 13 Landschafassen, 10 Wirtschaftsrassen und drei unterschiedliche Kreuzungen

Die Gesamtanalyse des Tiermaterials basiert auf Einzelprojekten, die durch das Sächsische Staatsministerium für Umwelt und Landwirtschaft (SMUL) an den Sächsischen Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V. (SSZV), der TSE-Sanierung aus dem Jahr 2003 sowie aus Einzelaufträgen der sächsischen Schafhalter. Daraus resultiert auch die vielseitige Struktur des Tiermaterials.

Tabelle 1 enthält die Übersicht der bearbeiteten Rassen für den genannten Zeitraum.

Tabelle 1: Rassenüberblick

Rasse	Rassen-kürzel	2001	2002	2003	2004	Gesamt
Anzahl untersuchter Tiere pro Jahr						
Landschafassen						
Braunes Bergschaf	BBS			11	9	20
Coburger Fuchsschaf	COF			1	18	19
Graue Gehörnte Heidschnucke	GGH			98		98
Gotländisches Pelzschaf	GPS			20	45	65
Jacobschaf	JAS			13	7	20
Kamarunschaf	KAM			15	28	43
Leineschaf	LES	36		51	134	221
Ouessantschaf	OES			19	21	40
Rhönschaf	RHS			12	7	19
Rauhwolliges Pommersches	RPL			4	5	9
Skudde	SKD			76	60	136
Weißes Bergschaf	WBS			3	2	5
White Shire Horn	WHO			2		2
Walliser Schwarznasenschaf	WSN				8	8
		36		325	344	705

Fortsetzung Tabelle 1

Rasse	Rassen- kürzel	2001	2002	2003	2004	Gesamt
		Anzahl untersuchter Tiere pro Jahr				
Wirtschaftsrassen						
Booroolablütiges Merinofleischschaf	BOO	1		20	5	26
Dorper	DOR			83	50	133
Merinofleischschaf	MF	30		515	295	840
Merinolandschaf	ML	47		1388	319	1754
Ostfriesisches Milchschaaf	OMS	197	2	4692	404	1072
Schwarzköpfiges Fleischschaf	SKF	78		215	484	777
Shropshire	SRO			4	46	50
Suffolk	SU	36	15	933	331	1315
Texel	TEX	18		150	95	263
Weißköpfiges Fleischschaf	WKF			25	20	45
Gesamt Wirtschaftsrassen		407	17	3802	2049	6275
Kreuzungen						
Merinolandschaf Kreuzungen	MLKR			956	21	977
Haarschaf - Nolana	NOL			19	60	79
Suffolk Kreuzungen	SUKR			668		668
Texel Kreuzungen	TEXKR			2		2
Gesamt Kreuzungen				1645	81	1726
Gesamtmaterial		443	17	55772	2474	8706

3.2 Methode

Als Material für die Genotypisierung wurde entweder Blut oder Gewebe aus dem Ohr der Schafe verwendet. Die Blutentnahme erfolgte durch den Schafgesundheitsdienst der Sächsischen Tierseuchenkasse, die Gewebeentnahme durch den SSZV. Die Untersuchung der Blut- und Gewebeproben erfolgte in drei verschiedenen anerkannten Laboreinrichtungen. 2001/2002 erfolgte die Genotypisierung nur auf der Basis der Blutuntersuchung. Im weiteren Verlauf wurde das gesamte Verfahren qualifiziert und auf Gewebeuntersuchung umgestellt.

Als Vorteile der Genotypisierung durch Gewebeentnahme mittels Ohrmarken stellten sich heraus:

- Gewebeproben können selbst genommen werden, es wird kein Tierarzt benötigt; somit werden die Kosten für die Probeentnahme verringert.
- Der Behälter für die Probeentnahme ist mit der Ohrmarke fest verbunden, so dass keine Verwechslung der Proben auftreten kann.
- Die Marken bestehen aus reißfestem Material und sind strapazierfähig.
- Die Nummer wird mit einem speziellen "Einbrennverfahren" durch einen Laserstrahl aufgedruckt, kann somit nicht abgerieben werden und ist immer gut lesbar.
- Die Nummerierung kann gleichzeitig als Einzeltierkennzeichnung in Verbindung mit der VVVO (Viehverkehrsohrmarke) genutzt werden.
- Die Sammelbehälter enthalten ein Konservierungs- und Trocknungsmittel. Somit können die Proben ohne Kühlung und ohne Expresszuschlag per Post versandt und bei Bedarf jahreslang aufbewahrt werden.

Als Nachteil:

- Kleine und dünne Ohren geben eine zu geringe Menge Gewebe ab, so dass bei kleinen Rassen die Blutprobe zu bevorzugen ist.
- Die Kommunikation zwischen SSZV und Labor erfolgt online und garantiert somit eine schnelle Übertragung der Ergebnisse durch den SSZV an den Schafhalter. Die Liste enthält folgende Informationen:

Name des Züchters

lfd. Nr.

Zuchtbuch Nr./Ohrmarke

Barcode

Rasse

männl./weibl.

Geb.- Datum

weitere Kennz.

PrP-Genotyp

Genotypenklasse (lt. BMVEL)

4 Ergebnisse

Die bisherigen Analysen zeigten folgende Ergebnisse (Tabelle 2).

Tabelle 2: Anzahl der untersuchten Tiere nach Jahren und Genotypklassen in absoluten Zahlen und Prozenten

Jahr	G1		G2		G3		G4		G5		Gesamt
	Total n	Relativ %	Total n	Relativ %	Total n	Relativ %	Total n	Relativ %	Total n	Relativ %	Total n
2001	103	5,3	149	4,7	186	5,7	2	1,5	3	2,0	443
2002	10	0,5	5	0,2	2	0,1		0,0		0,0	17
2003	1050	53,6	2068	65,1	2435	74,1	108	80,0	111	75,5	5772
2004	797	40,7	955	30,1	664	20,2	25	18,5	33	22,4	2474
Gesamt	1960		3177		3287		135		147		8706

Beginnend mit dem Jahr 2001 wurden mittels Blutuntersuchung vor allem über die Nachzuchtbewertung die Milchschaipopulation und die männliche Nachzucht der Wirtschaftsrassen bearbeitet. Im Jahr 2002 konnten lediglich 17 Tiere untersucht werden.

Das Jahr 2003 stellt sich als Schwerpunkt der Untersuchungen dar. Es wurden 5 772 Tiere untersucht, das entspricht 66,29 % des Gesamtmaterials. Zu den planmäßigen Untersuchungen wurden insgesamt 2843 Tiere aus der TSE- Sanierung mit in die Auswertung einbezogen, die Gewebeentnahme erfolgte durch den SSZV in Zusammenarbeit mit den Mitarbeitern der Sächsischen Landesanstalt für Landwirtschaft (LFL) im Auftrag der Landratsämter.

Tabelle 3: Anzahl der Genotypklassen nach Jahren in absoluten Zahlen und Prozenten

Jahr	2001		2002		2003		2004	
	Total n	Relativ %	Total n	Relativ %	Total n	Relativ %	Total n	Relativ %
G1	103	23,3	10	58,8	1050	18,2	797	32,2
G2	149	33,6	5	29,4	2068	35,8	955	38,6
G3	186	42,0	2	11,8	2435	42,2	664	26,8
G4	2	0,5		0,0	108	1,9	25	1,0
G5	3	0,7		0,0	111	1,9	33	1,3
	443				5772		2474	

Im Jahr 2001 wurden neun Rassen mit den Schwerpunkten Leineschaf und Ostfriesisches Milchschaaf, Suffolk, Schwarzköpfiges Fleischschaf, Merinoland- und Merinofleischschaf in die Untersuchungen einbezogen. In diesem ersten Untersuchungsjahr konnten 23,3 % in der G1, 33,6 % in der G2 und 42,0 % in der G3 analysiert werden. Nur bei drei Tieren, dies entsprach 0,7 % wurde G5 festgestellt: Das VRQ konnte auch in der G4 bei zwei Texel-Schafen nachgewiesen werden. Weil im folgenden Jahr das Analysenmaterial insbesondere über die weibliche Seite erheblich erweitert wurde, vergrößerte sich auch das Spektrum der Genotypen. Es zeigte sich, dass Erfolgsaussichten zur Selektion auf das ARR bei allen Wirtschaftsrassen, die ge-

genwärtig in Sachsen gehalten werden, als positiv einzuschätzen sind. Durch den Einsatz von Böcken, die mindestens einmal ARR aufwiesen und unter Ausschluss von VRQ in jeder Form konnten für die Rasse ML und OMS 2004 bereits homozygote Böcke ARR/ARR Böcke für die Zucht bereitgestellt werden.

**Tabelle 4: Anzahl der Genotypenverteilung in absoluten Zahlen – Wirtschaftsrassen
Untersuchungsjahr 2003**

Klasse	Genotyp	LES		ML		MF		SKF		SU		TEX		OMS		DOR	
		m	w	m	w	m	w	m	w	m	w	m	w	m	w	m	w
G1	AAR/AAR	2	8	3	19	11	102	77		46	294	6	15	9	8	44	14
G2	ARR/AHQ			5	16		10			18	1	6	5	35			
G2	ARR/ARH									2		5	9				
G2	ARR/ARQ	4	18	27	174	34	205	29		49	313	15	24	9	59	14	20
G3	AHQ/AHQ			4	9		1					1		1	37		
G3	AHQ/ARQ			25	161					11	4			19	115		
G3	AHQ/ARH											1					
G3	AHQ/ARQ			1			26			1		2	3				
G3	ARH/ARQ			1	2					1		12					1
G3	ARQ/ARQ		13	202	740	13	113			10	108	5	11	7	67		3
G4	ARR/VRQ							1		1	37	6	8			3	5
G5	ARQ/VRQ									1	33	1	10		1	1	4
G5	ARH/VRQ											4					
G5	VRQ/AHQ									6		1					
G5	VRQ/VRQ									2							

Durch die Ausweitung der Untersuchungen auf den gesamten weiblichen Bestand wurden in den Rassen Ostfriesisches Milchschaaf, Suffolk und Dorper in der G5 11 Tiere und in der G4 24 Tiere ermittelt.

Den größten Anteil mit 54,6 % nahmen in der G3 die Träger von ARQ/ARQ ein

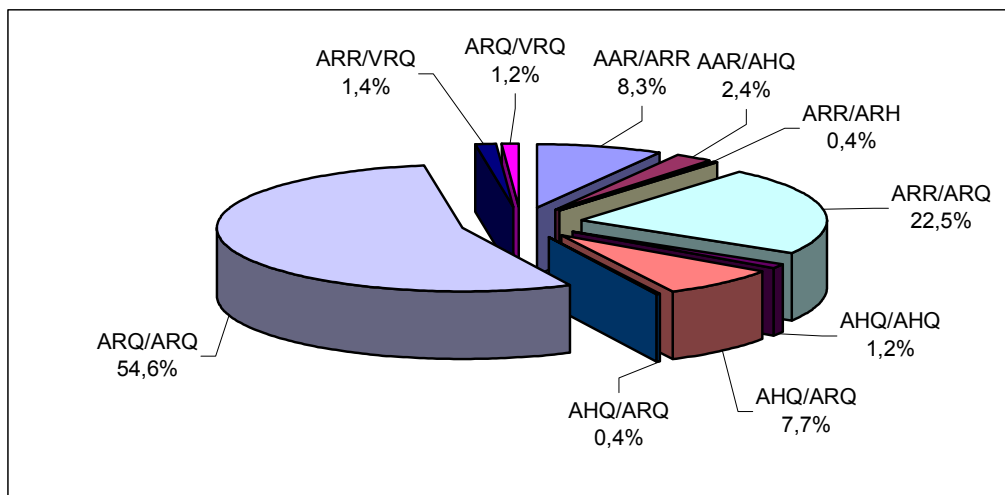


Abbildung 3: Prozentuale der Genotypenverteilung in absoluten Zahlen – Wirtschaftsrassen Untersuchungsjahr 2003

Für die Landschaftsrassen ergab sich eine andere Situation. Der Anteil Tiere mit dem Allel ARR war in wesentlich geringer Anzahl oder wie z. B. bei der Rasse Kamerun gar nicht vorhanden. Diese Ergebnisse, die auch bundesweit bestätigt wurden, müssen Konsequenzen auf die Selektion haben. Für die Kamerunschafe würde es bedeuten, dass sie bei Zucht auf ARR entweder in ein Kreuzungsprogramm einbezogen werden müssen oder aus der Haltung gänzlich ausscheiden. Zum anderen führt die Zucht bei Rassen mit geringer ARR-Allelfrequenz zu einer erheblichen Einengung der genetischen Varianz. Das VRQ in Verbindung mit ARR wurde bei einem Tier der Rasse Skudde analysiert.

Insgesamt konnten 2004 403 Tiere der 13 in Sachsen gehaltenen Landschaftsrassen (ohne Leineschafe) genotypisiert und ergaben folgende prozentuale Aufteilung:

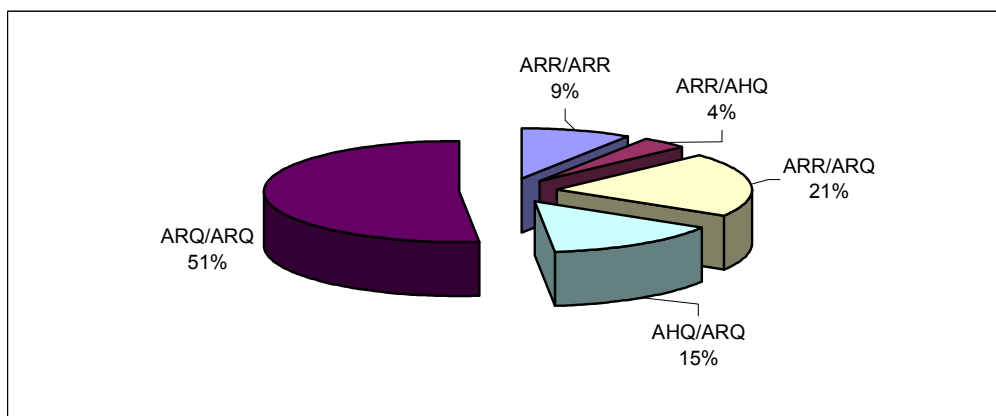


Abbildung 4: Prozentuale der Genotypenverteilung in absoluten Zahlen Landschaftsrassen Untersuchungsjahr 2004

5 Zusammenfassung und Schlussfolgerungen

TSE sind eine Gruppe von Krankheiten, die bei Mensch und Tier auftreten und durch eine Zerstörung des Hirngewebes gekennzeichnet sind. Zu dieser Gruppe gehören Krankheiten wie Kreutzfeldt-Jakob (CJD) beim Menschen, bovine spongiforme Enzephalopathie (BSE) beim Rind und Scrapie bei Schaf und Ziege. Während BSE erst seit relativ kurzer Zeit bekannt ist, tritt Scrapie bei Schafen endemisch etwa seit 250 Jahren auf und wurde als erste TSE in Europa beschrieben.

Klinische Anzeichen für Scrapie sind häufiges Reiben oder Kratzen des Körpers, Verhaltensänderungen wie Depression, Erregbarkeit oder Aggressivität sowie Haltungs- und Bewegungsänderungen wie Zittern und Stolpern, bis hin zum Tod.

In einigen europäischen Ländern stellt die Scrapie seit vielen Jahren ein Problem in der Schafpopulation dar. Der Zusammenhang zu BSE und Kreuzfeld-Jacob-Erkrankung des Menschen rückte die Scrapie im Interesse des Verbraucherschutzes in die aktuelle Diskussion und erzwangte Handlungsbedarf.

Ende des Jahres 2002 wurden mehrere Regelungen die Scrapiebekämpfung betreffend durch die Europäische Kommission beschlossen. Unter anderem beinhalten diese Regelungen die Erhebung der Prionprotein-Genotypen von jeder Schafrasse, die einheimisch ist oder die eine bedeutende Population im Hoheitsgebiet des Mitgliedstaates darstellt.

Eine der Vorgaben enthält die Definition, wie die einzelnen Allele bzw. Genotypen zum Beispiel zu bezeichnen sind:

Entsprechend den an den Positionen 136, 154 und 171 kodierten Aminosäuren werden die Allele ARR,AHQ, ARH, ARQ und VRQ unterschieden. Der Genotyp wird als Kombination zweier Allele definiert, z.B. ARR/ARR, ARR/AHO.

Das Ziel der vorliegenden Untersuchungen bestand darin, über die Erhebungen eine Zusammenfassung zur Genotypgruppenverteilung der in Sachsen gehaltenen Schafrassen zu erhalten. Dazu wurden von 2001 bis April 2004 8706 Tiere (Lämmer, Jährlinge, Mutterschafe, Böcke) von 23 Rassen und drei Gruppen verschiedener Kreuzungen genotypisiert sowie der Anteil der einzelnen Genotypen für das Gesamtmaterial und die einzelnen Rassen analysiert.

Untersuchungsergebnisse zeigen, dass einige Schafsgenotypen resistent gegen Scrapie sind, andere dagegen eher empfänglich, dazwischen liegt die ganze Bandbreite von Genotypen, die in unterschiedlichem Maße resistent sind. Das Verhältnis resistente/empfindliche Genotypen variiert von Rasse zu Rasse.

Seit 1998 ist bekannt, dass Scrapie auch in einer atypischen Form auftreten kann. Mit Hilfe moderner diagnostischer Methoden können heute die klassische und die atypische Scrapie sowie BSE voneinander unterschieden werden.

Für die Entwicklung von Zuchtprogrammen und für die Sanierungsstrategie bei Scrapie - Erkrankungen in einer Herde haben diese Erkenntnisse eine große Bedeutung. So war es nicht vermittelbar, dass bei 18 TSE-Fällen in Niedersachsen die Genotypisierung nur in zwei Fällen ein VRQ-Allel ergaben, in einem Fall sogar ARR/ARR nachgewiesen wurde. Die meisten Fälle waren Träger von ARQ/ARQ oder AHQ/ARQ, den Kombinationen, die den größten Anteil bei den sächsischen Schafrassen haben.

Für die Umsetzung der Entscheidung der Europäischen Kommission vom 13. Februar 2003 ab 01.01.2004 Zuchtprogramme für Schafe mit dem Ziel einführen, die Resistenz gegen über der Erkrankung an Scrapie in ihren Herden zu verbessern. Sind nach dem Vorliegen dieser Ergebnisse weitere Überprüfungen und Untersuchungen notwendig. Vor allem muss vermieden werden, dass kleine Populationen mit einem geringen ARRR-Anteil nicht weggezüchtet werde.

Durch den Einsatz gekörter und genotypisierter Böcke mit mind. einem ARR-Allel und unter Ausschluss des VRQ sollte die Resistenzerhöhung gegen TSE in unseren Schafherden erfolgreich sein.

Die aktuelleren Zahlen zur Genotypisierung sind den Tierzuchtreports 2005 (im Internet publiziert Mai 2006) **sowie 2006** (ab Mai 2007 im Internet verfügbar) **zu entnehmen.**
<http://www.landwirtschaft.sachsen.de/de/wu/Landwirtschaft/lfl/inhalt/9444.htm>

6 Literaturverzeichnis

- ANDRZEJEWSKI, M. (2005): Untersuchungen zum Vorkommen von Scrapie – Prion – Protein in Tonsillenbiopsaten genetisch hochempfindlicher Schafe in Niedersachsen, Dissertation, Tierärztliche Hochschule Hannover
- BARLOW, R. M.; MIDDLETON, D. J. (1990): Dietary transmission of bovine spongiform encephalopathy to mice. Veterinary Record 190 126 5 111-112
- BARLOW, R.M. (1990): Scrapie Agent. In Z. Dinter u. B. Morein (Ed.): Virus Infections Of Ruminants. Amsterdam-Oxford-NY-Tokyo: Elsevier Science Publishers B.V.
- BECHT, H. (1991): Scrapie, eine immer noch rätselhafte Infektion. Tierärztl. Prax., 19, 48-51.
- BEHRENS, H. (1987): Traberkrankheit. In H. Behrens (Ed.), Lehrbuch der Schafkrankheiten (pp. 34-36). Berlin, Hamburg: Parey Verlag.
- BESNOIT C, MOREL C. Note sur les lésions nerveuses de la tremblante du mouton. Rev Vet 1898; 23: 397-400.
- BILDFELL, R., J. BROCKLEBANK, T. DOHERTY U. C. BELLAMY (1991): Scrapie in Prince Edward Island. Can. Vet. J., 32, 438.

- BRAUN, K.L., STEWART, K., BRUCE, M.E. U. FRASER, H. (1996): Scrapie in den immunodeficient Mäusen. in Transmissible subakutes Spongiform Enzephalopathies (*Buch*). Gericht L, Dodet B (eds). Elsevier: Paris, p159-166.
- BROUGERE-PICOUX, J., J. CHATELEIN U. J.L. LAPLANCHE (1992): Die transmissiblen spongiformen Enzephalopathien der Wiederkäuer. Aktuelle Aspekte. Tierärztl. Umschau, 47, 330-337.
- BUNDESMINISTERIUM FÜR VERBRAUCHERSCHUTZ, ERNÄHRUNG UND LANDWIRTSCHAFT (BMVL), Pressemitteilung Nr. 22 vom 28. Januar 2005
- FRASER, H.; BRUCE, M. E.; CHREE, A.; MCCONNELL, I.; WELLS, G. A. H. (1992): Transmission of bovine spongiform encephalopathy and scrapie to mice. Journal of General Virology 1992 73 8 1891-1897
- FRASER, H. (1991): Scrapie and its homologues. In C.S.G. Grunsell u. M.E. Raw: The Veterinary Annual (Ed.), Oxford: Blackwell Scientific Publications.
- FOSTER, J.D. U. A.G. DICKINSON (1989): Age at death from natural scrapie in a flock of suffolk sheep. Vet. Rec., 125, 415-417.
- FOSTER, J.D. U. N. HUNTER (1991): Partial dominance of the sA allele of the Sip gene for controlling experimental scrapie. Vet. Rec., 128, 548-549.
- FOSTER, J.D., W.A.C. MCKELVEY, M.J.A. MYLLNE, A. WILLIAMS, N. HUNTER, J. HOPE U. H. FRASER (1992): Studies on maternal transmission of scrapie by embryo transfer. Vet. Rec., 130, 341-343.
- FRASER, H. (1991): Scrapie and its homologues. In C.S.G. Grunsell u. M.E. Raw: The Veterinary Annual (Ed.), Oxford: Blackwell Scientific Publications.
- HEIM D., E.MAURER,M.G.DOHER (2002): Band 144, Heft 12, Dezember 2002, 675–683 Schweiz.Arch.Tierheilk.©Verlag Hans Huber,Bern 2002
- HERBST, M. (1991): BSE und andere spongiforme Enzephalopathien. Prakt. Tierarzt 72, 485-488.
- HIEPE, T., V. BERGMANN U. R. JUNGSMANN (1973): Beitrag zur klinischen und pathomorphologischen Diagnostik der Traberkrankheit des Schafes. Mh. Vet. Med. , 28, 905-907.
- HUTYRA, F. U. J. MAREK (1913): Spezielle Pathologie und Therapie der Haustiere. G. Fischer Jena.
- HEYNKES, R. (2005): Chronik deutscher Scrapie Fälle. www.heynkes.de
- KÜMPER, H. (1996): Scrapie aus klinischer Sicht. Vortrag vor der Berliner Tierärztlichen Gesellschaft 12.06.1996 [Http://www. Vetmed.uni-giessen.de](http://www.Vetmed.uni-giessen.de)
- MARINOVIC UND SENN (1991): Zur Zeit ist die Scrapie vor allem in England weitverbreitet. (MORGAN et al. 1990). Großbritannien, Island, Frankreich Belgien, [ww.diss.fuberlin.de/2003/199/kap2](http://www.diss.fuberlin.de/2003/199/kap2).
- MORGAN, K.L., NICHOLAS K., GLOVER, M.J. UND HALL, A.P. (1990). A questionnaire survey of the prevalence of scrapie in sheep in Britain. Vet.Rec. 127, 373 – 376
- MURDOCH, G.H., E.E. SCLAVIADIS, E.E. MANUELIDIS U. L. MANUELIDIS (1990): Potential Retroviral RNAs in Creutzfeld-Jakob Disease. J. Virol., 64, 1477-1486.
- PRUSINER, S.B. (1982): Novel proteinaceous infections particles cause , Science 216, 136 144

- BRAUN, K.L., STEWART, K., BRUCE, M.E. U. FRASER, H. (1996): Scrapie in den immunodeficient Mäusen. in *Transmissible subakutes Spongiform Encephalopathies (Buch)*. Gericht L, Dodet B (eds). Elsevier: Paris, p159-166.
- SCOTT, P.R., M. CLARKE U. R.G. WILL (1990): Bovine spongiform encephalopathy diagnostic procedures. Proceedings: XVI World Buiat rics Congress. Salvador/Bahia/Brasil: Interlink Consultoria & Eventos Ltd.
- SCHREUDER BEC (1998): Epidemiological asects of BSE and scrapie including a risk assessment study. PhD thesis. Utrecht ISBN 90-393-1636-8,p210
- SCHULZE, P. (1969). Traberkrankheit des Schafes, In: *Handbuch der Virusinfektionen bei Tieren* Verlag Fischer, Jena, Band IV S. 695-730
- STRAUB, O.C. U. F. WEILAND (1992): Nachweis der Traberkrankheit bei Schafen in Deutschland. *Tierärztl. Umschau*, 47, 338-342.
- TAYLOR, D.M. (1989): Scrapie agent decontamination: Implications for bovine spongiform encephalopathy. *Vet. Rec.*, 124, 291-292.
- THOMAS (1834): *Vieharzneibuch des alten Schäfer Thomas*. G. Fleming, Glogau.
- WALKER, K.D., W.D. HUESTON, H. SCOTT HURD U. J.W. WILESMITH (1991): Comparison of bovine spongiform encephalopathy risk factors in the United Sates and Great Britain. *J. Am. Vet. Med. Assoc.*, 199, 1554-1561.
- WEISSMANN, C. (1991): The prion`s progress. *Nature*, 349, 569-571.

Entwicklung eines Zucht- und Informationssystems für die sächsische Pferdezucht

Kira Kultus, Dr. Ralf Fischer, Dr. Matthias Karwath; Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft

Dr. Yanka Tsvetanova; Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft

Inhalt

- 1 Einleitung und Zielstellung
- 2 Ausgangssituation zu Datenerfassung in Pferdezucht und -sport
- 3 Methode – System APIIS
- 4 Bearbeitungsschritte und Ergebnisse
 - 4.1 Laden der historischen Daten
 - 4.2 Besonderheiten der Leistungsabbildung beim Pferd
 - 4.3 Stand der Datenbankentwicklung
 - 4.4 Programmierung von Standardauswertungen
 - 4.5 weitere Arbeitsschritte und künftige Nutzungsmöglichkeiten
- 5 Zusammenfassung und Schlussfolgerungen
- 6 Literaturverzeichnis

1 Einleitung und Zielstellung

Die LfL ist im Rahmen des Hoheitsvollzuges mit der Durchführung der amtlichen Zuchtwertfeststellung bzw. Zuchtwertschätzung beauftragt. Im Bereich der Pferdezucht beschränkte sich diese hoheitliche Tätigkeit bislang auf die Zuchtwertfeststellung bei Hengsten und Stuten aufgrund ihrer Eigenleistung, welche über die stationäre Eigenleistungsprüfung (ELP) erfasst wird. Die bei der Zuchtwertfeststellung anhand der äußeren Erscheinung durch den Pferdezuchtverband festgestellten Ergebnisse werden dort zwar registriert, blieben aber aufgrund fehlender methodischer und EDV-technischer Voraussetzungen einer weitergehenden Auswertung und damit einer effektiven züchterischen Nutzenanwendung unzugänglich.

Eine Zuchtwertschätzung (ZWS) auf der Basis von Verwandtenleistungen, insbesondere von Nachkommenleistungen, wird auf bundesweiter Ebene im Auftrage der Mitgliedsverbände der FN Warendorf beim VIT Verden im Rahmen der „Integrierten Zuchtwertschätzung (IZWS)“ durchgeführt, wo jedoch ausschließlich Vätertiere der Reitpferdezucht einbezogen sind. Kleine Pferdezuchtverbände bleiben infolge von überwiegend zu kleinen Nachkommenschaften ihrer eingesetzten Hengste im Turniersport bei diesem System der IZWS weitgehend unterrepräsentiert und können die hier ermittelten ZWS-Ergebnisse i.d.R. für nur wenige ihrer Vätertiere (mit ausreichend großen Nachkommenschaften) praktisch nutzen (Veröffentlichungsgrenze: $n > 5$ Nachkommen bei 75% Genauigkeit). Diese ZWS kann jedoch für spezielle (regionale) züchterische Analysen nur ein Teilaspekt sein, da die Ausrichtung auf turniersportliche Leistungen voraussetzt, dass die Nachkommen auch entsprechend im Sport eingesetzt werden. Dies ist nur bei einem geringen Teil der Hengste der Fall. Aufgrund der Herdbuchdaten des Pferdezuchtverbandes Sachsen e.V. (PZV) stehen auch eine Reihe anderer Informationen zur Verfügung, auf deren Grundlage der Aufbau eines Informations- und regionalen Zuchtwertschätzsystems möglich ist. So sind z.B. Informationen über Exterieur- und Leistungsmerkmale aus den Nachzuchtbewertungen der Fohlenjahrgänge, den ZW-Feststellungen ‚äußere Erscheinung‘ (zum Zeitpunkt der Stutbuchaufnahme) und Leistungsprüfungsergebnisse aus den Stations- und Feldprüfungen vorhanden. Diese Daten haben gegenüber den Sportergebnissen den Vorteil, dass sie auf der Zeitschiene schon früher zur Verfügung stehen als turniersportliche Ergebnisse und dass von den Töchtern Informationen für alle Merkmale, und nicht nur für die in der speziellen Turniersportdisziplin geforderten, erfasst werden.

Ziel des Projektes war daher die Entwicklung eines Zuchtinformationssystems auf der Grundlage eines auf APIIS basierenden Datenbanksystems mit entsprechenden Auswertungsmöglichkeiten für bestimmte züchterische Analysen auf Basis von Herdbuchdaten des PZV, Daten der Sächsischen Gestütsverwaltung, Leistungsprüfungsdaten der LfL und überregionaler Daten von FN/VIT, wie sie beispielsweise für das Monitoring bei existentgefährdeten Haustierrassen oder die Hengstrevision erforderlich sind. Des Weiteren sollten Grundlagen für die Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für das Schwere Warmblut geschaffen werden.

2 Ausgangssituation zur Datenerfassung in Pferdezucht und -sport

Im Gegensatz zu anderen Nutztierarten ist die „Pferdeszene“ in Deutschland ein Mosaik verschiedenster Organisationen, die sowohl in Sachsen als auch über die Landesgrenzen hinaus unterschiedlichste Informationen von Pferden erfassen und eine Datenhaltung besitzen (Beispiele siehe Tabelle 1).

Tabelle 1: Datenerfassung bei Pferden in Sachsen

Daten	Organisation	Inhalte
Leistungen	Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL)	Tierinformationen und Eigenleistungsprüfungs-ergebnisse (Station, Feld)
	Landesverband Pferdesport (LVPS)	Tierinformationen und Ergebnisse Turniersport
	Erste Westernreitunion (EWU)	Tierinformationen und Ergebnisse Turniersport
	Verein Deutscher Distanzreiter (VDD)	Tierinformationen und Ergebnisse Turniersport
	Deutsche Reiterliche Vereinigung (FN)	Tierinformationen und Ergebnisse Turniersport
	Nachbarsportverbände	Tierinformationen und Ergebnisse Turniersport
Zucht	Pferdezuchtverband Sachsen	Tierinformationen, wie: Abstammung, Züchter, Besitzer
	Sächsische Gestütsverwaltung	Tierinformationen, wie: Abstammung, Züchter, Besitzer
	Überregionale Pferdezuchtverbände	Tierinformationen, wie: Abstammung, Züchter, Besitzer, Teilweise ZWS*
	Deutsche Reiterliche Vereinigung	Tierinformationen, wie: Abstammung, Züchter, Besitzer, Durchführung der Integrierten Zuchtwertschätzung
	Nachbarzuchtverbände	Tierinformationen wie: Abstammung, Züchter, Besitzer, Teilweise ZWS*
	Privathengsthalter	Tierinformationen, Bedeckungen
Gesundheit	Sächsische Tierseuchenkasse	Tierinformationen und Befund
	Tierärzte	Tierinformationen und Befund
	Sächsische Gestütsverwaltung	Tierinformationen und Befund
	Privathengsthalter	Tierinformationen und Befund

* ZWS - Zuchtwertschätzung

Der Pferdezuchtverband Sachsen e.V. betreut eine Vielzahl verschiedener Rassen. Darüber hinaus sind auf sächsischem Gebiet auch überregionale Züchtervereinigungen tätig, wobei teilweise eine Zusammenarbeit wie im Falle des IPZV – Islandpferde-Reiter- und Züchterverband e.V. erfolgt. Mit anderen Verbänden wie dem Zuchtverband für Deutsche Pferde, den zwei in Deutschland tätigen Araberzuchtverbänden oder auch der Deutschen Quarterhorse Association, um nur einige zu nennen, gibt es kaum Berührungspunkte.

Die LfL griff bisher im Rahmen ihrer hoheitlichen Tätigkeit auf die Datenquellen des Pferdezuchtverbandes und der Sächsischen Gestütsverwaltung zurück, um Ausgangsdaten für die Er-

füllung ihrer Aufgaben zu recherchieren. Über sächsische Pferdepopulationen, die nicht in das Aufgabengebiet dieser beiden Organisationseinheiten fallen, stehen keine Angaben zur Verfügung. Weitergehende tierzüchterische Auswertungen des bei der LfL vorhandenen Datenmaterials erfolgen bisher nicht, so dass Entscheidungen wie z.B. im Erlaubniswesen nur auf Beobachtungswerten beruhen.

Ähnlich stellt sich die Situation im Bereich der Leistungserfassung von Pferden dar, deren Informationen zwingend für die züchterische Bearbeitung der meisten Rassen erforderlich sind. Neben dem Landesverband Pferdesport Sachsen e.V. erfassen auch andere Verbände Leistungsdaten sächsischer Pferde. Hierzu zählen außer den Landessportverbänden anderer Bundesländer beispielsweise der Verein der Distanzreiter Deutschland oder die Erste Westernreitunion. Die LfL selbst erhebt Leistungsdaten in Form der Eigenleistungsprüfung von Hengsten und Stuten im Rahmen von Stations- und Feldprüfungen.

Beim Pferdezuchtverband und beim Landesverband Pferdesport wird Datenmaterial in der Regel nur erhoben, regelmäßige eigene Auswertungen finden nicht statt. Züchterische Entscheidungen erfolgen somit weitestgehend auf der Grundlage von Beobachtungen und subjektiven Bewertungen. Regelmäßig werden von beiden Verbänden Daten an die Deutsche Reiterliche Vereinigung (FN) geliefert, Rückinformationen an die Verbände sind jedoch kostenpflichtig und werden somit nur bedingt in Anspruch genommen. Auch über die Ländergrenzen findet kein umfassender Austausch statt, obwohl dort im Rahmen von Zucht- und Sportveranstaltungen regelmäßig Daten erhoben werden.

Allgemein kann man sagen, dass das Vorgehen in der Sächsischen Pferdezucht weder zeitgerecht ist, noch den Methoden der modernen Tierzuchtwissenschaften entspricht.

Die FN bündelt teilweise Informationen von verschiedenen Organisationen. Mit diesen wird einmal jährlich im Auftrag der FN beim VIT Verden die Integrierte Zuchtwertschätzung auf der Basis von Eigen- und Nachkommenleistungsprüfungen durchgeführt. Nach gleichem Modell werden auch Zuchtwerte für den Trakehner Verband ermittelt.

In den Pferdezuchtverbänden Hannover, Holstein und Mecklenburg-Vorpommern werden darüber hinaus Exterieurzuchtwerte geschätzt. Für Haflinger und Süddeutsche Kaltblüter existiert eine Zuchtwertschätzung in Bayern.

Schlussfolgerung für Zielstellung

Die Erstellung einer Pferdedatenbank bei der Sächsischen Landesanstalt für Landwirtschaft hat einerseits zum Ziel, die bestehenden Informationen schrittweise in einem System zusammenzuführen und sie in einem modernen Datenmanagementsystem verfügbar zu machen. Auf diese Weise sind mehrfache Dateneingaben (z.B. Abstammungsinformationen, Leistungsprüfungsergebnisse) vermeidbar, womit gleichzeitig Fehlerquellen ausgeschaltet werden. Andererseits sol-

len die Daten für verschiedene Routineauswertungen, die ebenfalls im Rahmen des Projekts zu entwickeln sind, bereitgestellt werden, was zu einer deutlichen Arbeitserleichterung und einem wesentlichen Informationsgewinn für die sächsische Pferdezucht führt.

3 Methode - System APIIS

Aufgrund entsprechender Kompetenzen in der LfL und bereits gesammelter Erfahrungen bei den Tierarten Schaf und Schwein, wurde das System APIIS („adaptable platform independent information system“) zur Erstellung der Datenbank verwendet. Unter dieser Voraussetzung besteht über eigene Ressourcen die Möglichkeit, die Datenbank weiterzuentwickeln und Anpassungen vorzunehmen, die durch zukünftige Anforderungen entstehen.

Die Datenbank beruht auf einer normalisierten Datenbankstruktur und erfüllt die Funktionalität einer konsistenten Datenbank. Die Normalisierung bezieht sich dabei in erster Linie auf die Auflösung von Wiederholungsgruppen, also der Entscheidung, ob es sich um einmalige oder wiederholte Informationen handelt. Diese Informationsblöcke werden in unterschiedlichen Tabellen abgebildet. Zu einer vollständigen Normalisierung gehören außerdem Schritte zum Auflösen von Schlüsselabhängigkeiten (zweite und dritte Normalform). Darunter versteht man in der Datenbanktheorie die Herauslösung doppelter Informationen, welche wiederholt in mehreren Zeilen vorkommen und direkt mit einem anderen Wert gekoppelt sind, sowie das Ablegen dieser in abgeleiteten Tabellen. Es werden keine redundanten, also auch keine berechneten Informationen, wie beispielsweise die Lebensstagszunahme, sofern die Ausgangsdaten bekannt sind, in die Struktur aufgenommen. Die Konsistenz wird über die Beschreibung der Abhängigkeiten der einzelnen Informationen gewährleistet, wozu Prüfgeln erarbeitet werden.

APIIS ist sowohl für Populationen mit mehreren Millionen Tieren wie auch für wenige Tiere einsetzbar. Damit besteht die Möglichkeit, dieselbe Software sowohl im Zuchtbetrieb als auch in der Herdbuchzentrale einzusetzen.

Ziel der Entwicklung war unter anderem die Schaffung eines Systems, welches vom Nutzer leicht adaptiert, modifiziert und erweitert werden kann, so dass sowohl Mitarbeit als auch seine Weiterentwicklung auf breiter Grundlage stehen. Um die relative Universalität zu gewährleisten, beruht das gesamte Design auf Standards wie SQL und auf der Nutzung von frei verfügbarer Software, wodurch eine Unabhängigkeit vom Betriebssystem, den eingesetzten Datenbanken wie auch von den Hardwareanforderungen gegeben ist.

Die Erstellung einer APIIS-Datenbank beinhaltet die Adaptation der bestehenden generischen Datenbankstruktur, welche zunächst nur Elemente enthält, die allen Tierarten gemein sind (z.B. Geburtsdatum, Eltern). Es sind Prüfgeln zu formulieren und zu integrieren, um die Konsistenz der Datenbank zu gewährleisten. Erst dann können existierende Daten aus bestehenden Informationssystemen eingespielt werden. Die Datenströme sind entsprechend des existierenden In-

formationsflusses abzubilden. Der gesamte Prozess gliedert sich dabei wie folgt (modifiziert nach GROENEVELD 2004):

1. Sammeln aller möglichen Datenströme, welche Eingang in die Datenbank finden sollen.
2. Feststellen aller redundanzfreien Datenobjekte in diesen Datenströmen.
3. Erstellen einer normalisierten Datenbankstruktur und Verteilen aller Datenobjekte auf die Datenbanktabellen.
4. Schreiben einer zentralen Modelldatei, welche die Datenbankstruktur wie auch die Beziehungen zwischen den Tabellen widerspiegelt. Weiterhin werden an dieser Stelle zusätzliche Informationen wie die verwendete Datenbank oder die Prüfre-
geln für jedes Element in der Modelldatei beschrieben.
5. Erstellen der Ladeobjekte für jeden Datenstrom, welche die Aufteilung der Daten auf die Tabellen in der Datenbank beschreiben.
6. Initialisierung der Datenbank und Anlegen der entsprechenden Tabellen.
7. Laden der bereits gesammelten historischen Daten.
8. Erzeugen des weiteren notwendigen Programmoutputs (Meldebescheinigungen, Züchteranschriften...).
9. Ggf. Parallelbetrieb zur Evaluierung und evtl. Anpassen der Prüfre-
geln und Abschalten der alten Datenbank.

Anschließend sind Applikationen für die Nutzung der Daten zu erarbeiten. Hierzu zählt unter anderem die Erstellung von Zuchtreports oder die Anbindung an die Zuchtwertschätzung.

Da das Verständnis der „APIIS-Philosophie“ eine Voraussetzung für eine effektive Nutzung und Weiterentwicklung ist, soll im Folgenden kurz auf zentrale Kernbestandteile eingegangen werden.

Die generalisierte Struktur ist ein Kernbestandteil der Datenbankstruktur, welcher für alle Tierarten identisch ist und die Grundfunktionen wie beispielsweise die Abbildung der Verwandtschaftsbeziehungen ermöglicht. Das Ziel der Nutzung dieser gemeinsamen Grundstruktur liegt zum einen in der Verwendung vorgefertigter Blöcke, welche in sich bereits normalisiert sind, und zum anderen in der Möglichkeit, Applikationen zu schreiben, die auf allen Systemen funktionieren, die der APIIS-Grundstruktur entsprechen. Letztere Möglichkeit reduziert den Programmieraufwand erheblich, da beispielsweise Populationsanalysen oder Inzuchtauswertungen nur einmal zu entwickeln sind. Eine normalisierte und generalisierte Datenbankstruktur ist somit eine zentrale Voraussetzung für die Umsetzung der gezeigten Schritte. Dabei muss diese einfach an die gegebenen Bedürfnisse angepasst werden können, und sie muss unterschiedliche Tieridentifikationssysteme wie auch Testregime abbilden können. Da nicht eine einzelne Struktur diese Erfordernisse beschreiben kann, ist das Hauptaugenmerk auf die größtmögliche Ü-

bereinstimmung gelegt worden. Typische Bereiche für die Abbildung sind Leistungserfassungen im Betrieb selbst oder auf Station, Besamung und Geburt sowie der Komplex der Adressverwaltung.

Eine Analyse einer Reihe von Zuchtprogrammen (drei Länder Schwein, zwei Länder Fleisch- und Milchrind sowie Schaf und ein System für Kaninchen) hat eine grundlegende gemeinsame Struktur erkennen lassen (GROENEVELD, 2000), die sich in zwei Arten von Tabellen, den immer notwendigen und den an die eigenen Bedingungen anzupassenden Tabellen, widerspiegelt. Dies gilt sowohl für tierindividuelle Informationen wie auch für die Abbildung von gruppenbezogenen Daten (siehe MALOVRH et al. 2001). Zu den notwendigen Tabellen, die allen analysierten Informationssystemen gemein sind, zählen Tabellen für das Tier selbst, eine Transfertabelle für die Tiere, in welcher sich ändernde Informationen für die Tiere widerspiegeln, eine Tabelle für kodierte Informationen (z.B. Geschlecht oder Rasse) sowie der Block zur Adressverwaltung. Weitere Transfertabellen werden genutzt, um die externen Kennzeichnungen in datenbankinterne umzusetzen. Dies ist für Tiere, für Code und Personen/Organisationen erforderlich.

Ein weiterer Kernbestandteil von APIIS ist die zentrale Modelldatei, welche die Datenbankstruktur wie auch die Beziehungen zwischen den Tabellen widerspiegelt. An dieser Stelle werden darüber hinaus zusätzliche Informationen wie die verwendete Datenbank oder die Prüfgeln für jedes Element beschrieben. Hier können auch notwendige Sichten (views) oder so genannte Trigger definiert werden. Letztere beschreiben Funktionen, die vor bzw. nach einzelnen Datenbankaktionen automatisch erfolgen sollen. Zum Beispiel das Loggen der SQL-Statements nach einem Update.

APIIS ist in der Lage, sowohl unterschiedliche Tierkennzeichnungen eindeutig abzubilden, als auch den potentiellen Wechsel der Bedeutung von Codes, etwa bei Änderung der Rasse- oder Farbschlüssel, zu ermöglichen. Die dritte Nutzung des Nummernsystems liegt im Komplex der Adressverwaltung, wo ebenfalls die Notwendigkeit besteht, externe Kennzeichnungen, beispielsweise für die Deckstellenleiter, in eindeutige interne Nummern zu überführen, mit der Möglichkeit, dieselbe Kennzeichnung nach Ausscheiden des Deckstellenleiters neu zu vergeben.

Kern der Abbildung ist die Überführung der externen Kennzeichnungen in eine datenbankinterne Nummer (GROENEVELD, 2000). Diese Vorgehensweise schließt die Nutzung von bereits bestehenden eindeutigen Kennzeichnungen mit ein. Die Umsetzung erfolgt dabei über eine Datenbanksequenz für jede unterschiedliche Nutzung, also eine für Tierkennzeichnungen, eine für Code und eine für den Komplex Personen/Organisationen.

Die Informationen werden mit Hilfe von Datenströmen in die Datenbank aufgenommen. Datenströme sind hier definiert als routinemäßig eintreffende Daten, welche eine logisch und inhaltlich zusammenhängende Informationseinheit darstellen, wie beispielsweise alle Informationen zu

einer Abföhlung. Diese werden gesammelt und gemeinsam an die Datenbank zu einem definierten Zeitpunkt übertragen, was eine definierte Zuständigkeit für die Erfassung, Übermittlung und für die evtl. notwendige Fehlerkorrektur impliziert. Datenströme lassen sich in zeitpunktabhängige und zeitpunktunabhängige Informationsströme unterteilen. Zu ersteren gehören die Informationen, welche dem Lebenszyklus eines Tieres folgen und nur in dieser Reihenfolge auftreten können. Beispielsweise: Geburt, Leistungsprüfung, Selektion und Bedeckung. Zeitpunktunabhängige Meldungen können unter anderem der Besitzer- oder Standortwechsel sein, welcher zu jedem Zeitpunkt im Leben eines Tieres auftreten kann. Die Erstellung der aus diesen Datenströmen resultierenden Ladeobjekte, als Beschreibung des Datenflusses, erfolgt in zwei Schritten: Sammeln und Identifizieren der Datenherkunft sowie Beschreiben der zugrunde liegenden Informationen (Daten) und Aufteilen dieser auf die entsprechenden Zieltabellen. Dieser Weg ist unabhängig davon, ob diese Informationen auf elektronischem Wege als Datei eintreffen oder über Masken (GUI - graphical user interface) direkt eingegeben werden.

Prüfregeln dienen der Erhaltung der Konsistenz der Datenbank und beschreiben in einer speziellen Syntax die entsprechenden Bedingungen und Abhängigkeiten in der Datenbank. Sie sind in einer Schicht zwischen Datenbankkern und Anwendungsprogrammen enthalten, wobei mehrere Profile für unterschiedliche Tiergruppen oder Bedingungen möglich sind (GROENEVELD, 2002). Hierbei werden die Daten, nicht wie allgemein üblich, beim Aufnehmen in die Datenbank über Filter in jedem Softwaremodul entsprechend dessen Funktionalität geprüft, sondern sind Teil der Modelldatei. Dies hat den Vorteil, dass die Regeln an nur einer Stelle definiert werden und somit spätere Änderungen übersichtlich bleiben sowie die nutzenden Applikationen keine eigenen Regeln aufstellen, welche die gesamte Konsistenz gefährden könnten, z.B. wenn in einer Ladeapplikation eine Überprüfung vergessen wurde. Eine spätere Änderung der Regeln bzw. deren Prüfschärfe sowie deren anschließende Prüfung auf Konsistenz sind damit abgedeckt. Die Prüfung nach Änderung einer Regel erfordert die Überprüfung aller bereits in der Datenbank enthaltenen Daten, wie es auch nach dem initialen Laden historischer Daten erforderlich ist. Datensätze, welche diese neuen Regeln verletzen, werden zunächst gekennzeichnet und bedürfen eines späteren Eingriffs durch den Nutzer. Hierfür existieren verschiedene Programme, um die Nachbearbeitung zu unterstützen (z.B. list error.pl). Die Anwendung der Regeln erfolgt bei jedem schreibenden Zugriff automatisch, auch für die weiteren Abhängigkeiten innerhalb und zwischen den Tabellen, so dass keine gesonderten Plausibilitätsprüfungen auszuführen sind. Diese Prüfregeln sind für jedes Datenbankfeld separat zu formulieren. Es sind Regeln wie das Prüfen von Spannweiten oder das Vorkommen bestimmter Schlüssel, Abhängigkeiten von anderen Informationen sowie die logische Abfolge von Aktionen (Geburtsmeldung nach Besamung...). Die Nutzung verschiedener Prüflevel lässt unterschiedliche Prüfbedingungen, sowohl für unterschiedliche Datenströme derselben Tiere, wie auch für unterschiedliche Tiergruppen zu. Entsprechend dem Prüflevel ist der Datenbankinhalt immer in einem definierten Zustand, für beispielsweise eine Zuchtwertschätzung müssen keine weiteren Aufbereitungen erfolgen.

4 Bearbeitungsschritte und Ergebnisse

4.1 Laden historischer Daten

Vor dem Beginn konkreter Programmierarbeiten stand das Problem der Datenbeschaffung, die in den unterschiedlichsten Dateiformaten zur Verfügung standen. Für den Aufbau der Datenbank wurde festgelegt, im ersten Projektabschnitt zunächst die Informationen des Pferdezuchtverbandes Sachsen e.V., der Sächsischen Gestütsverwaltung und der Sächsischen Landesanstalt für Landwirtschaft zu integrieren. Die folgenden Informationen standen zur Verfügung:

- Angaben zum Pferd selbst (Stammdaten wie: LN, Name, Geschlecht, Geburtsdatum, Rasse...)
- Angaben zur Leistung: Zuchtwertfeststellung der Äußeren Erscheinung
 - Eigenleistungsprüfung ->LP oder Sport
 - Nachzuchtleistung (Fohlenbewertung, ...)
 - Prämierungen (StPr; Sterne; Leistungsstutbuch, ...)
- Angaben zum Zuchteinsatz (Hengste: Bedeckungen, gefallene Fohlen, Besamungseinsatz)
 - (Stuten: Bedeckungen, lebend geborene Fohlen, ...)
- Angaben zur Tiergesundheit (Veterinärmedizinische Ergebnisse, Abgangsursachen)
- Molekulargenetische Untersuchungsergebnisse (Abstammungsuntersuchung, Farbtests)
- Angaben zu Verwandten (Vater, Mutter, Geschwister, Halbgeschwister, Nachkommen)

In Zusammenarbeit mit der FAL Mariensee, der Arbeitsgruppe um Prof. Groeneveld erfolgte die Realisierung des ersten Abschnittes bis zum Laden der vorliegenden Daten. Wie bereits erläutert, stellt APIIS eine allgemeine Datenbankstruktur zur Verfügung. In mehreren Diskussionsrunden entsprechend der aktuellen Problematik gelang es, diese den aus den historischen Daten resultierenden Informationsstrukturen der Tierart Pferd anzupassen. Ein wesentlicher Arbeitsschritt bestand in der Entwicklung einer Struktur, die es erlaubt, die Daten normalisiert abzubilden.

Die Abbildung 1 zeigt schematisch die dargestellte Datenbankstruktur, bestehend aus APIIS-Pflichttabellen und Tabellen, welche die tierspezifischen Informationen abbilden.

modellfile: horse.model

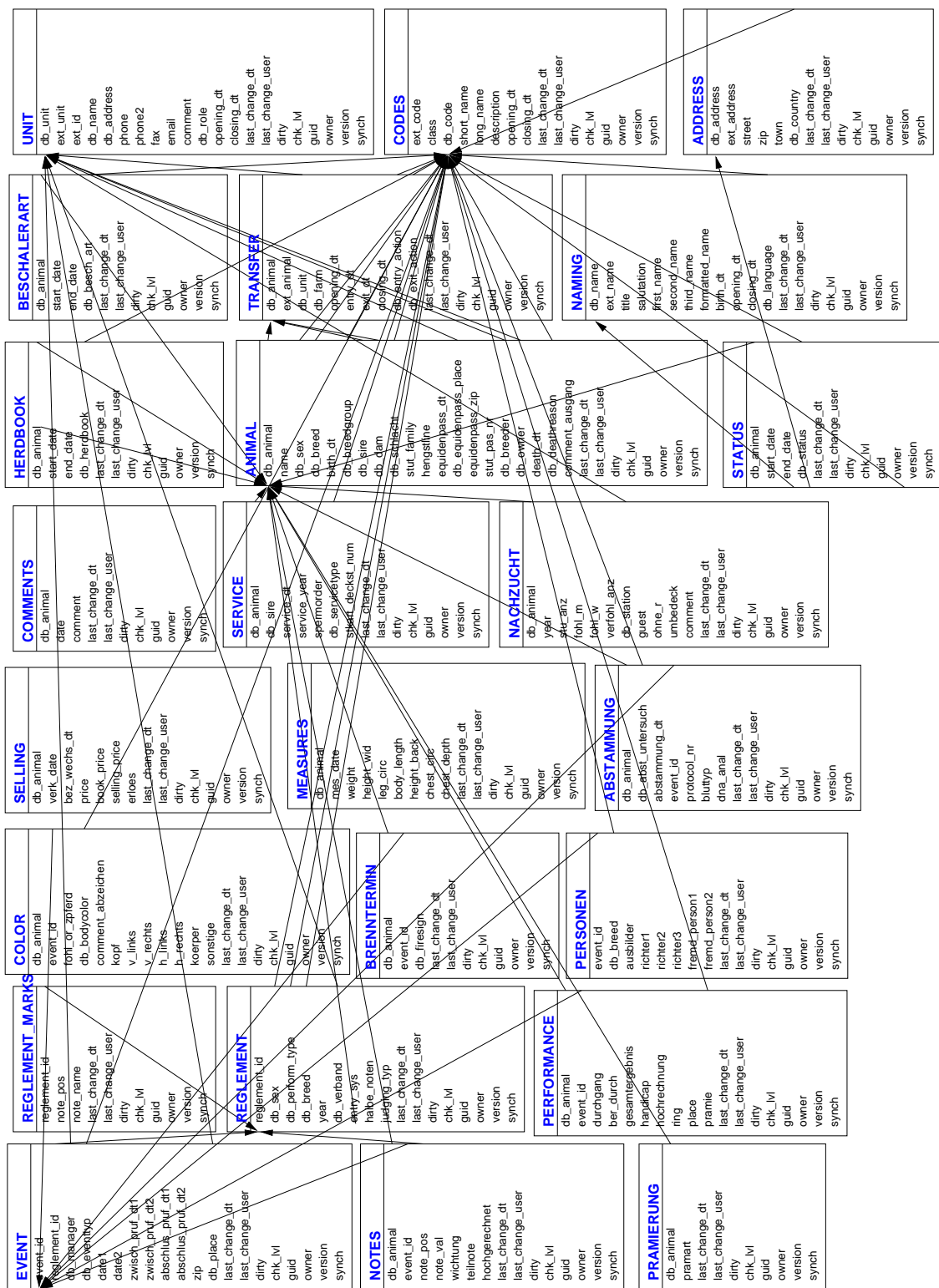


Abbildung 1: Modell der Datenbankstruktur

4.2 Besonderheiten der Leistungsabbildung beim Pferd

Problematisch stellte sich im Gegensatz zu anderen Tierarten bei Pferden dar, dass hier in der Historie die Bewertungsschemata vielfach geändert wurden. Die Umsetzung dieses Faktums in der Datenbankstruktur wurde durch die Anlage der folgenden Tabellen realisiert: EVENT, REGLEMENT, REGLEMENT_MARKS und NOTES.

Die Veranstaltung, auf der das Pferd bewertet wird (z.B. Zuchtbucheintragung oder Leistungsprüfung) mit den dazugehörigen Informationen (Datum, Veranstaltungsort etc.) wird der Tabelle EVENT zugeordnet und erhält eine eindeutige *event_id*. Mit den Informationen zum Eventtyp (*db_eventtyp*) wird festgelegt, welche Reglements bei der Bewertung Anwendung finden können (*reglement_id*).

Reglements befinden sich in der Tabelle REGLEMENT, wo in Verbindung von Geschlecht, Jahr und *db_eventtyp* jedem existierenden Reglement eine eindeutige *reglement_id* zugeordnet wird. Die Angaben zum Reglement selbst, d.h. Namen der vergebenen Noten (*note_name*, *note_pos* = Notenposition in der Urdatei) werden in der Tabelle REGLEMENT_MARKS mit Verweis auf die *reglement_id* abgebildet.

Die konkrete Note eines bestimmten Kriteriums, welche das teilnehmende Pferd auf dieser Veranstaltung erhielt, findet sich in der Tabelle NOTES. Hier sind das Tier (*db_animal*), das Reglement (*reglement_id*) sowie Notenposition im Reglement und Wert der Note vermerkt. Tabelle 2 zeigt die Felder dieser Datenbanktabellen. Die Abbildung 2 veranschaulicht die Abhängigkeiten zwischen den hierfür relevanten Elementen.

Tabelle 2: Notwendige Datenbanktabellen zum normalisierten Abbilden von Pferdebeurteilungen

EVENT	REGLEMENT	REGLEMENT_MARKS	NOTES
event_id			event_id
reglement_id	reglement_id	reglement_id	db_animal
db_manager	db_verband	note_pos	note_pos
db_eventtyp	db_eventtyp	note_name	note_val
db_place	year		wichtung
date1	db_sex		teilnote
date2	entry-sys		hochgerechnet
	Halbe_noten		
	judging_typ		

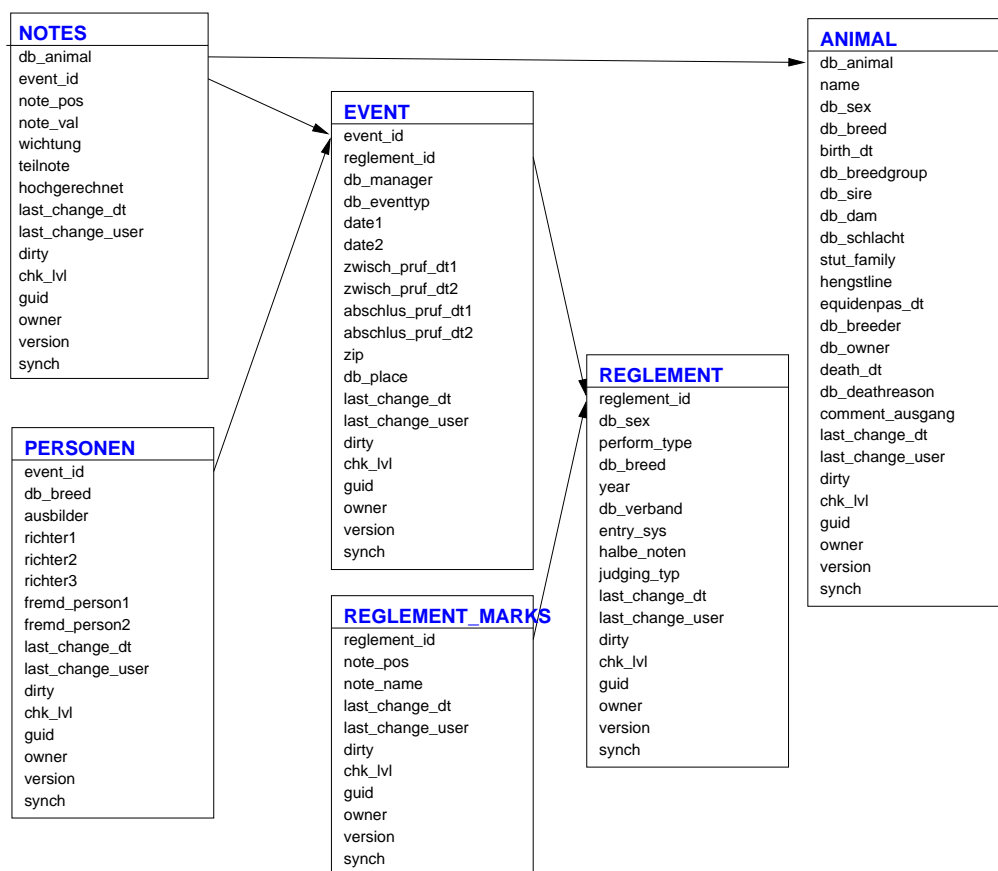


Abbildung 2: Tabellenabhängigkeiten für die Speicherung von Leistungsinformationen

Auf diese Weise lassen sich alle Bewertungen abbilden. Am konkreten Beispiel einer Stutbucheintragung bedeutet dies, dass die Informationen des Eintragungsprotokolls den folgenden Tabellen der Datenbank zugeordnet werden (Tabelle 3 und Abbildung 3):

Tabelle 3: Zuordnung der Informationen einer Stutbuchaufnahme in der Datenbankstruktur

Informationen des Eintragungsprotokolls	Datenbanktabelle	Information
		db_eventtyp judging_typ
Verband	REGLEMENT, EVENT	db_verband, db_manager
Ort	EVENT	zip, db_place
Datum	EVENT	date1, year
Stute	ANIMAL	db_sex, name
Lebensnummer	TRANSFER	ext_animal
Geburtsdatum	ANIMAL	birth_dt
Züchter	ANIMAL, NAMING	db_breeder, ext_name
Besitzer	ANIMAL, NAMING	db_owner, ext_name
Rasse	ANIMAL	db_breed
Farbe und Abzeichen	COLOR	db_bodycolor, kopf, ...
Widerristhöhe	MEASURES	heigth_wid
Röhrbeinumfang	MEASURES	leg_circ
Note 1 ... 10	NOTES, REGLEMENT_MARKS, REGLEMENT	note_name, note_pos, reglement_id, entry_sys, halbe_noten
Gesamtnote	PERFORMANCE	gesamtergebnis
Zuchtbuchabteilung	HERDBOOK	db_herdbook

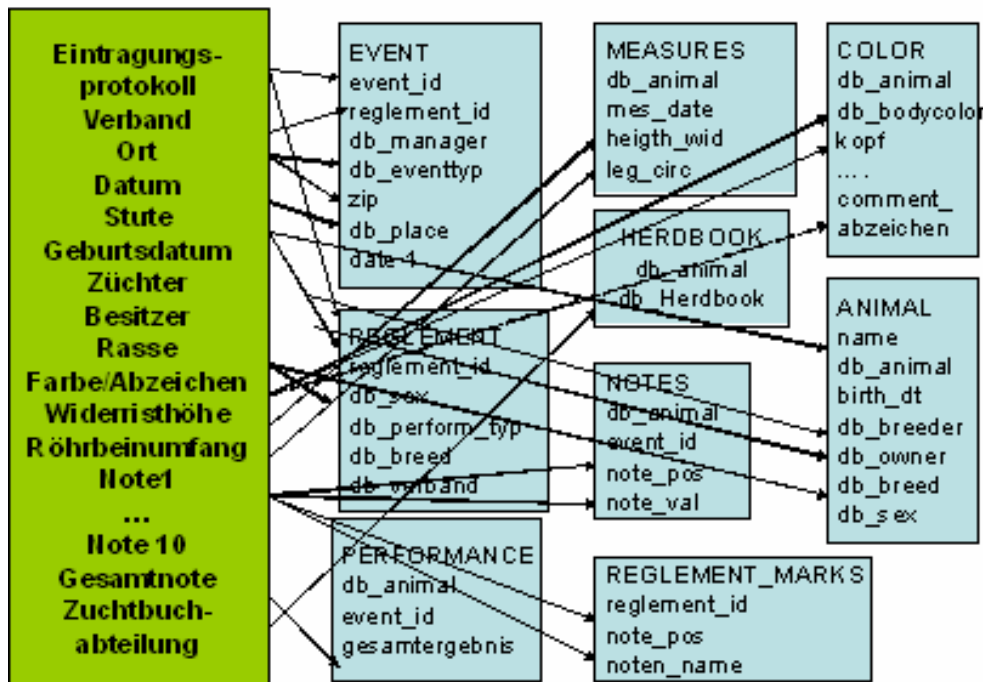


Abbildung 3: Zuordnung der Informationen in der Datenbank

Diese komplexen Vorgänge können über das Konzept der Ladeströme realisiert werden. Dabei werden neben der Aufteilung der Informationen auf die Zieltabellen auch die entsprechenden Prüfregeln angewendet.

4.3 Stand der Datenbankentwicklung

Derzeit erfolgt die Evaluierung der Daten, d.h. Prüfung auf vollständige Übernahme der Informationen und ob die Daten an die logisch richtigen Stellen/Tabellen geladen wurden. Sie müssen per SQL-Abfrage verfügbar sein. Ein Beispiel für fehlerhafte Ausgangsdaten sind ungültige Datumsangaben wie ‚01-02-0405‘ oder Geburtsdaten der Nachkommen früher als deren Eltern. Dafür werden Übersichten erzeugt die eine Korrektur in den Ausgangsdaten ermöglichen. Ein Beispiel ist in der folgenden Abbildung 4 dargestellt:

```
The following animals and parents have wrong birthdays:
=====
276305057046385      1985-01-25
    dam: 276305057067680      1990-11-17

276305053721484      1984-04-16
    dam: 276305057008569      1984-04-16

276487871609402      0202-04-22
    dam: 276387871004897      1997-04-24
    sire: 276305056002788      1988-03-25
```

Abbildung 4: Beispiel eines Fehlerprotokolls

Weil zukünftig regelmäßige Updates notwendig sind, werden außerdem die Laderoutinen vereinfacht.

Erste Übersicht

Insgesamt sind in der Datenbank 84.823 Pferde (lebende und tote) aus 143 Rassen enthalten. Die Tierzahlen der wichtigsten Rassen sind in der Tabelle 4 aufgeführt.

Tabelle 4: Anzahl Datensätze nach Rasse

Rasse	Anzahl
Sächsisches Reitpferd	8203
Schweres Warmblut	7786
Haflinger	7007
Shetland Pony	6024
Edles Warmblut	5680
Hannoveraner	4085
Englisches Vollblut (xx)	3431
Deutsches Reitpony	3332
Oldenburger	3317
Trakehner	2129
Holsteiner	1692
Islandpferd	1470
Kaltblut	1460
Westfale	1426
Sonst. Pony	1289
Welsh Mountain Pony (Sek. A)	1223
Deutsches Sportpferd	1085
Welsh Pony(Sek. B)	848
Ostfriesen	833
Arabisches Vollblut (ox)	817

Beispielsbetrachtung: Zuchtwertschätzung Schweres Warmblut

Eine erste Aufgabe wird die Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für die Rasse „Schweres Warmblut“ sein. Hier eine Übersicht zu diesem Datenmaterial:

Für insgesamt 7.786 in Sachsen registrierte Schwere Warmblüter (Sachsen und Thüringen führen gemeinsam das Ursprungszuchtbuch dieser Rasse, wobei davon auszugehen ist, dass in Thüringen Tiere in ähnlicher Größenordnung registriert sind) sind 35.561 einzelne Leistungsinformationen aus Exterieurbewertungen (31.456 Einzelnoten) und Leistungsprüfungen (4.105 Einzelnoten) vorhanden. Diese stammen aus 26 verschiedenen Reglements/Bewertungssystemen. Zugeordnet zu verschiedenen Komplexen ergibt sich die in Abbildung 5 dargestellte Verteilung:

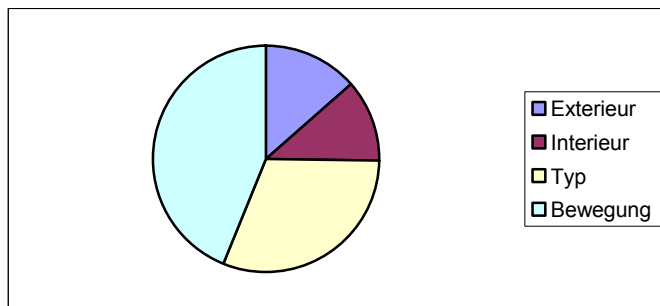


Abbildung 5: Verteilung der Noten in ausgewählten Komplexen

wobei sich die Bewegung weiter untergliedern lässt in (siehe Abbildung 6):

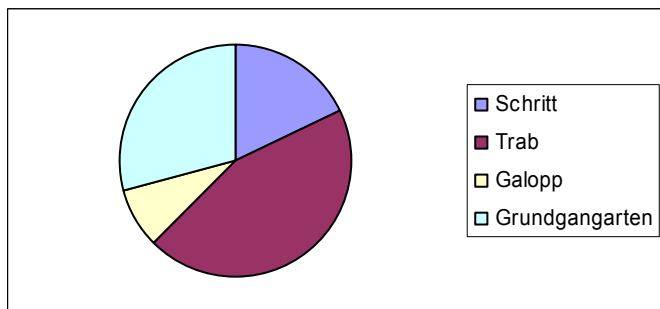


Abbildung 6: Anteil verschiedener Bewegungsnoten

Bei dieser Rasse handelt es sich um eine Nachzucht von Oldenburger und Ostfriesischen Pferden im Typ des Karossiers, die vornehmlich als Kutschpferde zum Einsatz kamen. Über die Jahrzehnte starb die Rasse im Herkunftsgebiet aus (Umezüchtungsprozess zum Reitpferd), in Sachsen und Thüringen blieb sie erhalten und konnte durch das Wirken vor allem der damaligen Landstallmeisterin Frau Dr. Steiner gerettet werden.

So beginnt die Zucht in Sachsen mit Importpferden im 18. Jahrhundert. Mit dem Einsetzen der Motorisierung und der dadurch bedingten sinkenden Nachfrage reduzierte sich der Bestand, was – wenn auch mit Verzögerung – zum Anstieg des Inzuchtgrades in der Population führte. Die APIIS-Datenbank bietet die Möglichkeit der Berechnung und Darstellung dieses Faktors und erlaubt ein aktuelles Monitoring, welches für die Entwicklung von Zuchtstrategien und Zuchtempfehlungen genutzt werden kann. Als Beispiel sind in Tabelle 5 die durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten für die Rasse Schweres Warmblut seit dem Geburtsjahrgang 1970 dargestellt.

Tabelle 5: Inzuchtaufstellung nach Geburtsjahren für die Rasse Schweres Warmblut seit 1970

Jahr	Anzahl	Minimum	Maximum	Durchschnitt
1970	125	0.0000	0.2500	0.0132
1971	146	0.0000	0.1562	0.0096
1972	154	0.0000	0.1270	0.0090
1973	212	0.0000	0.4077	0.0108
1974	213	0.0000	0.2656	0.0106
1975	236	0.0000	0.3184	0.0116
1976	251	0.0000	0.1554	0.0130
1977	245	0.0000	0.1406	0.0112
1978	314	0.0000	0.1518	0.0118
1979	321	0.0000	0.2627	0.0150
1980	395	0.0000	0.2500	0.0139
1981	415	0.0000	0.2534	0.0135
1982	437	0.0000	0.1381	0.0144
1983	572	0.0000	0.1875	0.0144
1984	623	0.0000	0.2500	0.0143
1985	620	0.0000	0.2295	0.0145
1986	665	0.0000	0.4375	0.0161
1987	652	0.0000	0.2511	0.0160
1988	797	0.0000	0.2295	0.0151
1989	935	0.0000	0.2500	0.0172
1990	1003	0.0000	0.2539	0.0177
1991	1453	0.0000	0.2552	0.0162
1992	1857	0.0000	0.5000	0.0183
1993	2088	0.0000	0.2716	0.0142
1994	2086	0.0000	0.2502	0.0156
1995	1921	0.0000	0.2575	0.0155

Jahr	Anzahl	Minimum	Maximum	Durchschnitt
1996	1809	0.0000	0.3633	0.0156
1997	1833	0.0000	0.2651	0.0167
1998	1569	0.0000	0.2633	0.0165
1999	1553	0.0000	0.2633	0.0170
2000	1447	0.0000	0.2545	0.0190
2001	1423	0.0000	0.2599	0.0194
2002	1411	0.0000	0.2940	0.0189
2003	1364	0.0000	0.2641	0.0223
2004	1322	0.0000	0.1932	0.0211
2005	147	0.0000	0.1269	0.0203
Gesamt	84823	0.0000	0.5000	0.0088

Auch umfangreiche Pedigreeanalysen gestattet APIIS, so z.B. für die Analyse von Nachzuchten bestimmter Hengste die mit bestimmten Informationen gekoppelt sein können (z.B. Anzahl prämierter Nachkommen oder Bewertung der Nachkommen in bestimmten Merkmalen).

4.4 Programmierung von Standardauswertungen

Die Arbeiten zur Erstellung von Standardauswertungen beinhalten die Erfassung der für die jeweilige Auswertung erforderlichen Informationen, die Beschreibung der Datenherkunft, die Erstellung einer Bildschirmansicht sowie eines Druckformates.

Zu den Standardauswertungen informativer Natur zählen beispielsweise:

- ▶ *Alle Daten eines Pferdes*
- ▶ *Abfrage der Verwandtenleistung*
- ▶ *Alle Daten einer Rasse*
- ▶ *Hengstrevisionskatalog*
- ▶ *Tierzuchtreport*
- ▶ *Stationsprüfungsbericht*
- ▶ *Jahresstatistik*
- ▶ *Staatsprämienvergabemeldung für SMUL*
- ▶ *Besamungs- und Bedeckungsstatistiken*
- ▶ *LP-Kataloge und Ergebnislisten*
- ▶ *Div. Auswertungen zur Fruchtbarkeit/Tiergesundheit*
- ▶ *Anschriften verschiedener Institutionen*
- ▶ *Alle erfassten Informationen der DB*
- ▶ *Übersicht der Erteilten Besamungserlaubnisse*
- ▶ *Übersicht über LP-Reglements*
- ▶ *Überblick Prämierungsmöglichkeiten und Bedingungen*
- ▶ *Suchfunktionen*

APIIS bietet die Möglichkeit einer standardmäßigen Nutzung zusätzlicher Programme wie PEST und VCE. Unter Nutzung dieser Optionen wird deshalb im Rahmen einer „Arbeitsgruppe Leistungsprüfung und Zuchtwertschätzung beim Pferd“, der Vertreter verschiedener Organisationen angehören, ein Modell für die Zuchtwertschätzung von Pferden der Rasse Schweres Warmblut entwickelt. Weitere populationsgenetische Standardauswertungen umfassen Analysen zum

- ▶ *Monitoring tiergenetischer Ressourcen*
- ▶ *Remontierungsraten*
- ▶ *Zuchtbenutzungsrate*
- ▶ *Inzuchtgrad*
- ▶ *Fremdblutanteile*
- ▶ *Stutenfamilien*
- ▶ *Hengstlinien*
- ▶ *Stammbäume sowie*
- ▶ *Vorbereitung der Staatsprämienvergabe.*

4.5 Weitere Arbeitsschritte und künftige Nutzungsmöglichkeiten

Die Informationen der Datenbank sind nach dem Laden historischer Daten ausschließlich per SQL-Abfrage verfügbar. Um eine allgemeine Anwenderfreundlichkeit herzustellen, die den Umgang mit der Datenbank auch in Programmiersprachen ungeübten Personen ermöglicht, ist es somit unabdingbar, verschiedenste Masken z.B. zum Suchen von Tieren oder dem Aufrufen/Erstellen von Auswertungen zu schaffen.

Weil beabsichtigt ist, die Datenbank als „lebende“ Datenbank, d.h. mit Datenhaltung zu entwickeln, in die neue Daten gespeist werden können, sind darüber hinaus Eingabemasken erforderlich. Folgende Beispiele seien genannt:

- ▶ *Anlegen neuer Pferde-Datensätze für LP-Teilnehmer*
- ▶ *Angaben zum Zuchteinsatz (Besamungseinsatz, ...)*
- ▶ *Angaben zur Tiergesundheit (Veterinärmedizinische Ergebnisse, Abgangsursachen)*
- ▶ *Angaben zu Verwandten*
- ▶ *Schaffung von Möglichkeiten zur Datenkorrektur*

Eng verbunden mit der Schaffung von Eingabemöglichkeiten ist die Definition von Schreibrechten.

Durch die Anschaffung eines neuen Leistungsprüfungsprogramms seitens der LfL ist zwischenzeitlich die Erstellung einer Laderoutine für aus diesem Programm stammende Daten notwendig geworden. Dies beinhaltet erneut die Definition einer Schnittstelle, Anpassung der DB-Struktur und der Code, Erstellung von Prüfregelein, dem folgend das Laden historischer Daten sowie deren Evaluierung.

Aus einem alten Haflinger-Hengstleistungsprüfungsprogramm auf Access-Basis existieren bei der LfL Daten, welche bisher keinen Eingang in die Datenbank fanden und ebenfalls über die o.g. Stufen noch zu integrieren sind.

Eine komplexe Verwendung der Datenbank erfordert darüber hinaus z.B. das Hinterlegen von Richtlinien-Texten, Fotos, die Integration der Informationen der FN-Zuchtwertschätzung, die Definition von Schnittstellen zur Übertragung von Daten in das Herdbuch des Pferdezuchtverbandes sowie die Integration der Sportdaten aus dem Herdbuch.

Künftige Nutzungsmöglichkeiten der Datenbank

Wie bereits einleitend angedeutet, erfolgt eine Datenhaltung bei verschiedensten Institutionen. Ein und dieselben Informationen werden somit mehrfach in unterschiedlichste Softwaresysteme eingegeben. Zukunftsvisionen zur Nutzung der Datenbank, die zum einen der Fehlervermeidung als auch der Einsparung von Arbeitszeit dienen, gehen dahin, dass Institutionen ihre Daten in die Datenbank einbringen und diese mit nutzen. Dies führt zur Informationsbündelung mit damit verbundenem Informationsgewinn, der komplexe Auswertungen unter anderem für züchterische Zwecke möglich macht. Abbildung 7 zeigt schematisch eine mögliche Nutzung der Datenbank durch verschiedene Institutionen, die ihre Daten einbringen. In nächster Zukunft könnte die Datenbank dann z.B. bei der Datenübernahme im Rahmen von Verbandsfusionen hilfreich sein.

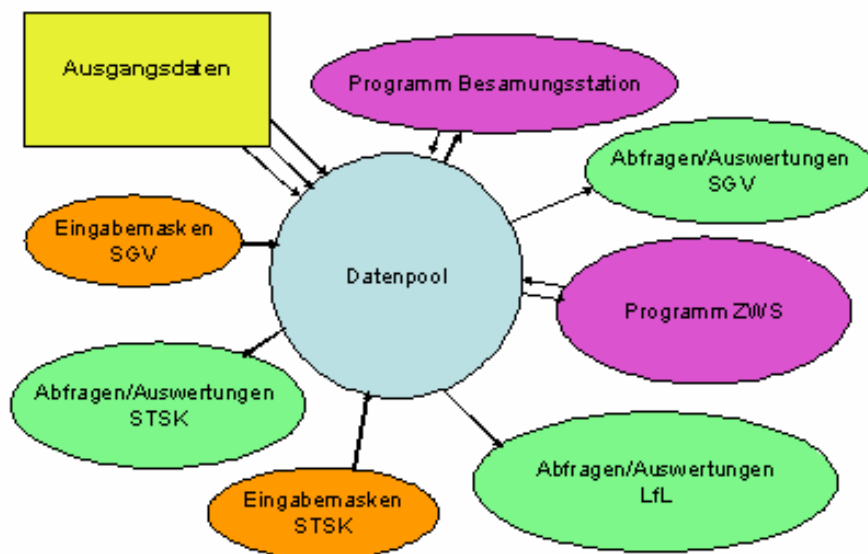


Abbildung 7: Nutzungsmöglichkeiten der Datenbank

5 Zusammenfassung und Schlussfolgerungen

Grundvoraussetzung für die Nutzung der gegebenen Nachkommeninformationen ist die Gewährleistung der Datenlogistik, d.h. das Zusammenführen aller zweckdienlichen und notwendigen Informationen und der Aufbau einer bei der LfL zu installierenden Datenbank, die regelmäßig aktualisiert werden muss. Der erste Teil des Projektes, realisiert durch die FAL (Institut für Tierzucht, Mariensee), war der Entwicklung einer APIIS-basierten Datenbank und Integration der Daten aus Herdbuch, Gestütsverwaltung und LfL (Leistungsprüfung) gewidmet. Es wurde eine Datenbankstruktur zur normalisierten Abbildung der Pferdedaten entwickelt und Laderoutinen zum Laden historischer Daten angepasst.

Nicht integriert wurden die Daten des VIT sowie Leistungsprüfungsdaten aus dem ersten, auf Access-basierendem LP-Programm, sowie LP-Daten, die nur auf Papier als Rohdaten vorliegen.

Der zweite Projektteil diente der Erstellung von Standardabfragen für Routineauswertungen. Entsprechend der verschiedensten Aufgabenkomplexe wurden Abfragen erstellt, die zukünftig eine bessere Analyse vorhandener Daten gestatten. Es stellte sich aber auch heraus, dass die Datenbankstruktur kleinere Mängel aufweist, die zu beheben sind. Nach Änderungen der Datenbankstruktur sind die Abfragen auf Funktionsfähigkeit entsprechend zu prüfen.

Gravierender war jedoch das Problem der Datenqualität, die es bisher nicht gestattet, bestimmte Auswertungen vorzunehmen, d.h. die Ergebnisse der Abfragen sind nicht verwertbar. Hier müssen zwingend Vereinbarungen zur Verbesserung der Datenqualität mit den Beteiligten getroffen werden. Eine Vielzahl von Datensatzfehlern konnte aufgedeckt und zur Korrektur an den PZV weiter gereicht werden. Dieser Prozess ist noch im Gang und bedarf weiterer systematischer Prüfung.

Die Nutzung der Datenbankinformationen ist derzeit nur per SQL-Abfrage möglich. Arbeitsmasken oder Dateneingabemöglichkeiten, die die Datenbank anwenderfreundlich gestalten, fehlen bisher. Gleiches gilt für die Auswertungen, die ebenfalls in eine verwertbare (Druck-) Form gebracht werden müssen.

Mit der Schaffung der Pferdedatenbank wurde die Grundlage für die Erarbeitung einer Zuchtwertschätzung u.a. für Schwere Warmblüter geschaffen. Diese Zuchtwertschätzung wird derzeit entwickelt, wobei hier die schlechte Datenqualität den Fortgang der Arbeiten behindert.

In der Pferdedatenbank wurden die Daten von PZV, SGV und LfL zusammengeführt und erstmals für weiterführende statistische und populationsgenetische Auswertungen zugänglich gemacht. Zukünftig könnte die Integration aller Institutionen, die Pferdedaten besitzen nicht nur für die Pferdezucht ein Gewinn sein.

Die Datenbank erfordert weitere Bearbeitung, um der LfL in der täglichen Anwendung in handhabbarer einfacher Form zur Verfügung zu stehen.

6 Literaturverzeichnis

GROENEVELD, E. (2000): APIIS: development of an Adaptable Platform Independent Information System for animal populations; Vortragstagung der DGfZ und GfT, 20./21. September 2000, Kiel

GROENEVELD, E. (2002): Platform independent information systems in animal breeding and research. Proceedings of the 7th World Congress on Genetics applied to Livestock Production (WCGALP), Vol 33, p. 721-728, ISBN 2-7380-1052-0, 19.-23. August 2002, Montpellier, France

GROENEVELD, E. (2004): An Adaptable Platform Independent Information System in Animal Agriculture: Framework and Generic Database Structure, Livestock Production Science, Vol 87, p. 1-12, first APIIS paper, LIVEST 2397

MALOVRH, Š., URANKAR, J. UND KOVAČ, M. (2001): APIIS Support for Animal Group Recording; Research Reports Biotechnical Faculty, University of Ljubljana Supplement, 31, S 337-346, ISSN 1408-3493, 2001 33

Impressum

- Herausgeber:** Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft
August-Böckstiegel-Straße 1, 01326 Dresden
Internet: www.landwirtschaft.sachsen.de/lfl/publikationen
- Autoren:** siehe Inhaltsverzeichnis
- Redaktion:** Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft
Fachbereich Tierische Erzeugung
Dr. Roland Klemm
Am Park 3
04886 Köllitsch
Telefon: 034222 46-241
Telefax: 034222 46-109
E-Mail: roland.klemm@smul.sachsen.de
- Endredaktion:** Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft
Birgit Seeber, Ramona Scheinert, Matthias Löwig
Telefon: 0351 2612-345
Telefax: 0351 2612-151
E-Mail: birgit.seeber@smul.sachsen.de
- ISSN:** 1861-5988
- Redaktionsschluss:** April 2007

Für alle angegebenen E-Mail-Adressen gilt:

Kein Zugang für elektronisch signierte sowie für verschlüsselte elektronische Dokumente

Verteilerhinweis

Diese Informationsschrift wird von der Sächsischen Staatsregierung im Rahmen der Öffentlichkeitsarbeit herausgegeben. Sie darf weder von Parteien noch von Wahlhelfern zum Zwecke der Wahlwerbung verwendet werden. Dies gilt für alle Wahlen.